

This Page Is Inserted by IFW Operations  
and is not a part of the Official Record

## **BEST AVAILABLE IMAGES**

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

**IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.**

**As rescanning documents *will not* correct images,  
please do not report the images to the  
Image Problem Mailbox.**



Atty. Dkt. No. 081356-0210

**IN THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE**

Applicant: Kazuko SHINOZAKI et al.

Title: PRODUCTION OF PLANTS HAVING IMPROVED ROOTING  
EFFICIENCY AND VASE LIFE USING STRESS-RESISTANCE GENE

Appl. No.: 10/798,579

Filing Date: March 12, 2004

**CLAIM FOR CONVENTION PRIORITY**

Commissioner for Patents  
PO Box 1450  
Alexandria, Virginia 22313-1450

Sir:

The benefit of the filing date of the following prior foreign application filed in the following foreign country is hereby requested, and the right of priority provided in 35 U.S.C. § 119 is hereby claimed.

In support of this claim, filed herewith is a certified copy of said original foreign application:

- JAPAN Patent Application No. 2003-71082 filed 3/14/2003.

Respectfully submitted,

Date 31 March 2004

By Stephen A. Bent

FOLEY & LARDNER LLP  
Customer Number: 22428  
Telephone: (202) 672-5404  
Facsimile: (202) 672-5399

Stephen A. Bent  
Attorney for Applicant  
Registration No. 29,768

(Translation)

**PATENT OFFICE  
JAPANESE GOVERNMENT**

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

**Date of Application:** March 14, 2003

**Application Number:** Japanese Patent Application  
No. 2003-71082

**Applicant(s):** Japan International Research Center for Agricultural Sciences  
Kirin Beer Kabushiki Kaisha

March 16, 2004

**Commissioner,  
Patent Office**

**Yasuo IMAI (seal)**

**Certificate No. 2004-3021234**

10/798,579  
Kab SHINOZAKI e TAL

日 本 国 特 許 庁  
JAPAN PATENT OFFICE

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日                      2 0 0 3 年    3 月 1 4 日  
Date of Application:

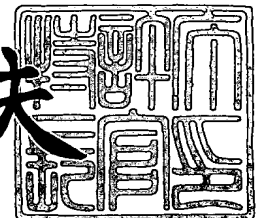
出 願 番 号                      特 願 2 0 0 3 - 0 7 1 0 8 2  
Application Number:  
[ST. 10/C] :                      [ J P 2 0 0 3 - 0 7 1 0 8 2 ]

出      願      人  
Applicant(s):                      独立行政法人国際農林水産業研究センター  
   麒麟麦酒株式会社

2 0 0 4 年    3 月 1 6 日

特許庁長官  
Commissioner,  
Japan Patent Office

今 井 康 夫



出証番号    出証特 2 0 0 4 - 3 0 2 1 2 3 4

【書類名】 特許願

【整理番号】 P02-0988

【提出日】 平成15年 3月14日

【あて先】 特許庁長官 殿

【国際特許分類】 C07K 14/415  
C12N 15/09  
C12N 1/19  
C12N 1/21

【発明の名称】 ストレス耐性遺伝子を用いた発根率や切花の花持ちが改善された植物の製造

【請求項の数】 10

【発明者】

【住所又は居所】 茨城県つくば市吾妻2丁目11-807-508

【氏名】 篠崎 和子

【発明者】

【住所又は居所】 栃木県塩谷郡喜連川町大字早乙女字申塚3377番地  
麒麟麦酒株式会社 植物開発研究所内

【氏名】 梅基 直行

【発明者】

【住所又は居所】 栃木県塩谷郡喜連川町大字早乙女字申塚3377番地  
麒麟麦酒株式会社 植物開発研究所内

【氏名】 間宮 幹士

【発明者】

【住所又は居所】 栃木県塩谷郡喜連川町大字早乙女字申塚3377番地  
麒麟麦酒株式会社 植物開発研究所内

【氏名】 戸栗 敏博

【特許出願人】

【識別番号】 501174550

【氏名又は名称】 独立行政法人国際農林水産業研究センター

## 【特許出願人】

【識別番号】 000253503

【氏名又は名称】 麒麟麦酒株式会社

## 【代理人】

【識別番号】 100091096

【弁理士】

【氏名又は名称】 平木 祐輔

## 【選任した代理人】

【識別番号】 100118773

【弁理士】

【氏名又は名称】 藤田 節

## 【選任した代理人】

【識別番号】 100096183

【弁理士】

【氏名又は名称】 石井 貞次

## 【選任した代理人】

【識別番号】 100111741

【弁理士】

【氏名又は名称】 田中 夏夫

## 【手数料の表示】

【予納台帳番号】 015244

【納付金額】 15,750円

【その他】 国等以外のすべての者の持分の割合 75 / 100

## 【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【包括委任状番号】 9809317

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 ストレス耐性遺伝子を用いた発根率や切花の花持ちが改善された植物の製造

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を用いて植物を形質転換することを含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物を作成する方法。

【請求項 2】 ストレス応答性プロモーターが、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターからなる群から選択される少なくとも 1 つである請求項 1 に記載の形質転換植物を作成する方法。

【請求項 3】 ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAがDREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子からなる群から選択される少なくとも 1 つである請求項 1 に記載の形質転換植物を作成する方法。

【請求項 4】 ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが、

(a) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において 1 または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入された塩基配列からなるDNAであってストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコ

ードするDNA、

(b) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、ならびに

(c) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA

からなる群から選択される少なくとも1つのDNAである請求項1に記載の形質転換植物を作成する方法。

【請求項5】 ストレス応答性プロモーターのDNAが、

(a) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入されたものであってストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、

(b) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、ならびに

(c) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモ



ーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA

からなる群から選択される少なくとも1つのDNAである請求項1に記載の形質転換植物を作成する方法。

【請求項6】 ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物。

【請求項7】 ストレス応答性プロモーターが、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターからなる群から選択される少なくとも1つである請求項6に記載の形質転換植物。

【請求項8】 ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAがDREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子からなる群から選択される少なくとも1つである請求項6に記載の形質転換植物。

【請求項9】 ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが、

(a) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入された塩基配列からなるDNAであってストレス応答性エレメントに結

合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、

(b) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、ならびに

(c) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA

からなる群から選択される少なくとも1つのDNAである請求項6記載の形質転換植物。

【請求項10】 ストレス応答性プロモーターのDNAが、

(a) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入されたものであってストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、

(b) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、ならびに

(c) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA

からなる群から選択される少なくとも 1 つのDNAである請求項 6 記載の形質転換植物。

【発明の詳細な説明】

【0 0 0 1】

【発明の属する技術分野】

本発明は、ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子で植物を形質転換することを含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物を作成する方法ならびにストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物に関する。

【0 0 0 2】

本発明は、さらに発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された植物を作成するための乾燥ストレス応答性エレメント(DRE ; dehydration responsive element)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAをストレス応答性プロモーターの下流に連結した遺伝子(ストレス耐性遺伝子)の使用に関する。

【0 0 0 3】

【従来の技術】

栽培植物は、種子繁殖や球根などの植物本来の機構による増殖と、挿し木(挿

し芽、挿し穂)、組織培養などのクローン技術によって増殖が行われている。特に3大切花であるキク、カーネーション、バラは優良品種が作出されると、その枝や穂を挿し木(挿し芽・挿し穂)で増やし切花生産やその植物体の維持に使われている。この増殖の生産性を高めるためには、挿し木増殖の効率を上げる必要があり、最も製品率を上げるためには挿し木の発根性を上げる必要がある。これを解決するため商品名ルートン等に代表されるオーキシン類による薬剤処理が行われるが決して十分ではなく、コストや手間がかかるのが現状である。一方、切花において花持ちという性質は大変重要な形質であることはいうまでもない。花持ちに関する生化学的な検討がされ、老化ホルモンであるエチレンを物理的に吸収するなどの手法がとられている。しかしこの方法においても、エチレンで制御される花持ちは、切花の本体的な改善ではなく、部分的な改善に過ぎない。またエチレンの吸収や発生の抑制で改善される植物は限られた品種であり、もっとより広範囲かつ植物自体の状態の改善が望まれていた。しかも発根性と切花延命性を同時に向上させるような手段は知られていなかった。

#### 【0004】

これまで、人為的にクローン増殖性や花持ちが改善された植物を作出する場合、それぞれに優良な形質を示す系統の選抜や交配などの手法が用いられてきたが、選抜法には多くの時間が必要であり、一方、交配法は限られた種間にしか用いることができないため、挿し木増殖効率および花持ちが改善された植物の作出は困難であった。

#### 【0005】

近年のバイオテクノロジーの進歩に伴い、植物に異種生物由来の特定の遺伝子を導入する形質転換技術などの手法を用いて、様々な植物の作出が試みられている。これまでに、発根促進についてはrolC遺伝子を導入したカーネーションの例があるが、rolC遺伝子自身さまざまな植物で矮化や分枝性をあげることが知られており実用性は難しいと考えられる[J. Amer. Soc. Hort. Sci. 126:13-18(2001)]。遺伝子組換えによるエチレン発生の抑制やエチレン受容機構に不感受性にするなどの試みがされており、作出された植物が、部分的な花持ちの向上(花卉等の老化の抑制)につながった報告も見られる[HortScience 30: 970-972(1

995), Mol. Breed. 5: 301-308(1999)]。

#### 【 0 0 0 6 】

一方、植物は、自然界において、乾燥、高温、低温又は塩などの様々な環境ストレスに曝されて生息している。植物は、動物のように移動によってストレスから身を守る行動をとることができないため、進化の過程で、様々なストレス耐性機構を獲得してきた。例えば、低温耐性植物(シロイヌナズナ、ホウレンソウ、レタス、エンドウ、オオムギ、テンサイなど)は、低温感受性植物(トウモロコシ、イネ、カボチャ、キュウリ、バナナ、トマトなど)よりも、生体膜脂質中の不飽和脂肪酸の含有割合が低く、そのため、低温に曝されても、生体膜脂質の相転移が起こりにくく、低温障害が生じにくい。これまで、人為的に環境ストレス耐性植物を作出する場合、乾燥、低温又は耐塩性の系統の選抜や交配などの手法が用いられてきたが、選抜法には多くの時間が必要であり、一方、交配法は限られた種間にしか用いることができないため、高い環境ストレス耐性を有する植物の作出は困難であった。

#### 【 0 0 0 7 】

近年のバイオテクノロジーの進歩に伴い、植物に異種生物由来の特定の遺伝子を導入する形質転換技術などの手法を用いて、乾燥、低温、塩などに耐性の植物の作出が試みられている。もっとも実用性の高いとされる植物としてはストレス応答性プロモーターの下流に乾燥ストレス応答性エレメント(DRE; dehydration responsive element)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNA(DREB遺伝子という)が連結された遺伝子を導入することにより作出した、環境ストレス耐性の形質転換植物がある[特許第3178672号公報と特許第3183458号公報]。本方法により環境ストレス(乾燥ストレス、低温ストレス、塩ストレスなど)に対する耐性が向上し且つ矮化の起こらない形質転換植物が作出されている。しかしこれらストレス耐性の付与は特殊な条件下(継続的に砂漠地域、塩害地域、低温地域等)で栽培されることを想定した場合やあくまで植物が極度の環境ストレスに一時的に晒された場合の話であり、通常の栽培形態である挿し木増殖の発根率や通常の商品流通や消費形態である切り花にした際の花持ち(切花延命性)に好影響を与えるという報告はなかった。

**【 0 0 0 8 】****【特許文献 1】**

特許第3178672号公報

**【特許文献 2】**

特許第3183458号公報

**【非特許文献 1】**

J. Amer. Soc. Hort. Sci. 126 : 13-18(2001)

**【非特許文献 2】**

HortScience 30: 970-972(1995), Mol.Breed. 5: 301-308(1999)

**【非特許文献 3】**

Mol.Breed. 5: 301-308(1999)

**【 0 0 0 9 】****【発明が解決しようとする課題】**

本発明は、発根率を高めることにより挿し木増殖での効率を高め、切花の花持ちが改善された植物を提供することを目的とする。

**【 0 0 1 0 】****【課題を解決するための手段】**

本発明者らは、上記課題を解決するため鋭意検討を重ねた実験を行っていた。ストレス耐性付与の目的で作成された特許第3178672号公報の実施例 5 に記載されている植物プラスミド pBI29AP:DREB1A で形質転換したキクを得て、これをクローン増殖後に、切花を生産し、その花持ちを検定したところ、遺伝子導入前の品種と比較し、発根率、挿し木増殖性、花持ち（切花延命性）において明らかな優位性を見出し、本発明を完成するに至った。すなわち、本発明は以下の通りである。

**【 0 0 1 1 】**

(1) ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードする DNA が連結された遺伝子を用いて植物を形質転換することを含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長

された形質転換植物を作成する方法、

(2) ストレス応答性プロモーターが、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターからなる群から選択される少なくとも1つである(1)の形質転換植物を作成する方法、

(3) ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAがDREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子からなる群から選択される少なくとも1つである(1)の形質転換植物を作成する方法、

(4) ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが、

(a) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入された塩基配列からなるDNAであってストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、

(b) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、ならびに

(c) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子

、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA

からなる群から選択される少なくとも1つのDNAである(1)の形質転換植物を作成する方法、

(5) ストレス応答性プロモーターのDNAが、

(a) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入されたものであってストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、

(b) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、ならびに

(c) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA

からなる群から選択される少なくとも1つのDNAである(1)の形質転換植物を作成する方法、

(6) ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写



を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物、

(7) ストレス応答性プロモーターが、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターからなる群から選択される少なくとも1つである(6)の形質転換植物、

(8) ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAがDREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子からなる群から選択される少なくとも1つである(6)の形質転換植物、

(9) ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが、

(a) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入された塩基配列からなるDNAであってストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、

(b) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、ならびに

(c) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子

からなる群から選択される少なくとも 1 つの DNA である (6) の形質転換植物、  
ならびに

(a) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erdl遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入されたものであってストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、

(b) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、ならびに

(c) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA

からなる群から選択される少なくとも 1 つの DNA である (6) の形質転換植物。

さらに、上記（４）および（９）のDNAには、DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DRE

B2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAと実質的に同等の活性を有するDNAが、上記（５）および（１０）のDNAには、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAと実質的に同等の活性を有するDNAが含まれる。

#### 【 0 0 1 2 】

##### 【発明の実施の形態】

本発明の形質転換植物は、ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれる乾燥ストレス応答性エレメント(DRE; dehydration responsive element)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNA(DREB遺伝子という)が連結された遺伝子（本明細書においてストレス耐性遺伝子と呼ぶこともある）を導入することにより作出した、発根率を高めることにより挿し木増殖での効率を高め、切花の花持ち（切花延命性）が向上された植物である。一例として、rd29Aプロモーターを用いた構成の遺伝子を示す（図１）。

#### 【 0 0 1 3 】

##### （１）DREB遺伝子

本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして、DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子があり、これらを適宜使用することができる。DREB1A遺伝子は、DREB1A遺伝子[Kazuko Yamaguchi-Shinozaki and Kazuo Shinozaki: Plant Cell 6: 251-264(1994)]のcDNA領域を、逆転写ポリメラーゼ連鎖反応(RT-PCRともいう)を行い、増幅することにより得ることができる。ここでPCRに用いることができる鋳型mRNAとしては、シロイヌナズナでMS培地 [Murashige and Skoog: Physiol. Plant. 15: 473-497 (1962)] などの固体培地に

播種し、無菌条件下で生育させた植物体を乾燥ストレス(例えば、脱水状態にする)に曝露した状態から調製したmRNAが挙げられる。

#### 【0014】

またこれらの遺伝子は、特許第3178672号公報に記載されており、同公報の記載に従って取得することができる。また、DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子、およびDREB2H遺伝子の塩基配列をそれぞれ配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25および27に示す。また、DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子、およびDREB2H遺伝子がコードするタンパク質のアミノ酸配列をそれぞれ配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26および28に示す。さらに、DREB1A又はDREB2A遺伝子を含む組換えベクターは、大腸菌K-12株に導入され、DREB1A遺伝子を含む大腸菌は、受託番号FERM P-16936として、DREB2A遺伝子を含む大腸菌は、受託番号FERM P-16937として、独立行政法人 産業技術総合研究所 特許生物寄託センター(日本国茨城県つくば市東1丁目1番地1中央第6)に、平成10年8月11日付けで寄託されている。さらに、DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を図2に、DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を図3に、DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を図4に、DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を図5に示した。このアラインメントは解析ソフトウェアとしてGENETYX-MAC version 12.0.0を用いた。また、DREB1DからDREB1FおよびDREB2CからDREB2Hの塩基配列およびアミノ酸配列ならびにそれらの発現解析については Biochem. Biophys. Res. Comm., 290: 998-1009(2002)に記載されており、本願発明のDREB遺伝子を得るに当たって該

文献を参照することもできる。

#### 【0015】

図2のDREB1A遺伝子からDREB1F遺伝子の塩基配列レベルでの配列比較より、DREB1AとDREB1BからDREB1Fの間の相同性は最も低くて54.7%である。また、DREB1BからDREB1Fの間に相同性が最も低いのはDREB1DとDREB1Eとの間で51.2%である。さらに、DREB1AからDREB1Fの間ではDREB1Aの約100位の塩基から約400位の塩基までの配列に相当する配列部分に共通配列が多く、DREB1Aの100位から400位の間の塩基配列に相当する部分の相同性が最も低いのはDREB1DとDREB1Eの間に約65%である。

#### 【0016】

従って、DREB1AからDREB1Fのいずれかの塩基配列と50%以上の相同性を有する塩基配列からなり、DREB1ファミリーの遺伝子のDNAであるDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。このようなDNAの中でも特にDREB1Aの第100位から第400位の塩基配列部分またはDREB1BからDREB1Fの塩基配列のうち上記方法によりDREB1Aの塩基配列とアラインメントさせたときにDREB1Aの第100位から第400位の塩基配列部分に相当する塩基配列部分と相同性の高い塩基配列部分を有するDNAを好適に用いることができ、該部分のDREB1AからDREB1Fの何れかとの相同性が少なくとも60%、好ましくは65%以上のDNAを本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、少なくとも上記塩基配列部分を含むDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

#### 【0017】

図2のDREB1Aタンパク質からDREB1Fタンパク質のアミノ酸配列レベルでの配列比較より、DREB1AとDREB1BからDREB1Fの間の相同性は最も低くて43.9%である。また、DREB1BからDREB1Fの間に相同性が最も低いのはDREB1DとDREB1Eとの間で41.9%である。

## 【0018】

従って、DREB1AからDREB1Fのいずれかのアミノ酸配列と40%以上の相同性を有するアミノ酸配列からなるDREB1ファミリーに属するタンパク質をコードするDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。このようなDNAの中でも特にDREB1Aタンパク質の約31番目のアミノ酸から約120番目のアミノ酸配列部分またはDREB1Bタンパク質からDREB1Fタンパク質のアミノ酸配列のうち上記方法によりDREB1Aタンパク質のアミノ酸配列とアラインメントさせたときにDREB1Aの31番目のアミノ酸から120番目のアミノ酸配列部分に相当するアミノ酸配列部分と相同性の高いアミノ酸配列部分を有するタンパク質をコードするDNAを好適に用いることができ、該部分のDREB1AからDREB1Fの何れかとの相同性が少なくとも60%、好ましくは70%以上のタンパク質をコードするDNAを本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、少なくとも上記アミノ酸配列部分を含むタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、DREB1Aタンパク質からDREB1Fタンパク質のアミノ酸配列のうち、DREB1Aタンパク質の85番目から93番目のアミノ酸配列(MAARAHQVA)および95番目から105番目のアミノ酸配列(ALRGRSACLNF)はDREB1Aタンパク質からDREB1Fタンパク質に共通であり、この共通配列部分のすべてまたは一個もしくは数個のアミノ酸が置換、欠失または付加された配列を有するタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

## 【0019】

図4のDREB2A遺伝子からDREB2H遺伝子の塩基配列レベルでの配列比較より、DREB2AとDREB2BからDREB2Hの間の相同性は最も低くて39.4%である。また、DREB2BからDREB2Hの間で相同性が最も低いのはDREB2GとDREB2Hとの間で38.4%である。

さらに、DREB2AからDREB2Hの間では約180位の塩基から約400位の塩基までの配列部分に共通配列が多い。

#### 【 0 0 2 0 】

従って、DREB2AからDREB2Hのいずれかの塩基配列と50%以上の相同性を有する塩基配列からなり、DREB2ファミリーの遺伝子のDNAであるDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。このようなDNAの中でも特にDREB2Aの第180位から第400位の塩基配列部分またはDREB2BからDREB2Hの塩基配列のうち上記方法によりDREB2Aの塩基配列とアラインメントさせたときにDREB2Aの第180位から第400位の塩基配列部分に相当する塩基配列部分と相同性の高い塩基配列部分を有するDNAを好適に用いることができ、該部分のDREB2AからDREB2Hの何れかとの相同性が少なくとも40%、好ましくは50%以上のDNAを本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、少なくとも上記塩基配列部分を含むDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

#### 【 0 0 2 1 】

図5のDREB2Aタンパク質からDREB2Hタンパク質のアミノ酸配列レベルでの配列比較より、DREB2AとDREB2BからDREB2Hの間の相同性は最も低くて26.1%である。また、DREB2BからDREB2Hの間で相同性が最も低いのはDREB2FとDREB2Gとの間で21.5%である。

#### 【 0 0 2 2 】

従って、DREB2AからDREB2Hのいずれかのアミノ酸配列と20%以上の相同性を有するアミノ酸配列からなるDREB2ファミリーに属するタンパク質をコードするDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。このようなDNAの中でも特にDREB2Aタンパク質の約61番目のアミノ酸から約130番目のアミノ酸配列部分またはDREB2Bタンパク質からDREB2Hタンパク質のアミ

ノ酸配列のうち上記方法によりDREB2Aタンパク質のアミノ酸配列とアラインメントさせたときにDREB2Aの61番目のアミノ酸から130番目のアミノ酸配列部分に相当するアミノ酸配列部分と相同性の高いアミノ酸配列部分を有するタンパク質をコードするDNAを好適に用いることができ、該部分のDREB2AからDREB2Hの何れかとの相同性が少なくとも20%、好ましくは30%以上のタンパク質をコードするDNAを本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、少なくとも上記アミノ酸配列部分を含むタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、DREB2Aタンパク質からDREB2Hタンパク質のアミノ酸配列のうち、DREB2Aタンパク質の88番目から98番目のアミノ酸配列(WGKWVAEIREP)はDREB2Aタンパク質からDREB2Hタンパク質に共通であり、この共通配列部分のすべてまたは一個もしくは数個のアミノ酸が置換、欠失または付加された配列を有するタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

#### 【0023】

なお、ファミリーとはDREB1A～FおよびDREB2A～Hと分子系統的に関連がありアミノ酸配列レベルで一定の相同性を有する分子群に属する分子をいい、DREB1A～FおよびDREB2A～H以外のものを含む。

#### 【0024】

また、図6にDREB1Aを基軸としたDREB1BからDREB1Fとの塩基配列レベルでのアラインメントを、図7にDREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとの塩基配列レベルでのアラインメントを、図8にDREB1Aを基軸とした場合のDREB1BからDREB1Fとのアミノ酸配列レベルでのアラインメントを、図9にDREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとのアミノ酸配列レベルでのアラインメントをそれぞれ示した。上記のようなDREB1AやDREB2Aを基軸とした場合の各共通塩基配列、当該配列の縮重異性体、当該配列との相同性が80%以上のもの、当該配列に相補的な



DNAからなるDNAとストリンジェントな条件でハイブリダイズするもののうちのいずれからなるDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。また、上記のようなDREB1AやDREB2Aを基軸とした場合の共通アミノ酸配列、当該配列において1個もしくは数個のアミノ酸が置換、欠失、付加もしくは挿入された配列のいずれかのアミノ酸配列を有するタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

#### 【0025】

以下に、DREB1A～1Fの間のアミノ酸レベルでの共通配列、DREB2A～2Hの間のアミノ酸レベルでの共通配列、DREB1A～1Fの間の塩基レベルでの共通配列、DREB2A～2Hの間の塩基配列レベルでの共通配列を示す。

#### 【0026】

**\* DREB1A～1F アミノ酸レベル:**

DREB1Aの30番目のアミノ酸がAであり、34～36番目のアミノ酸がP、K、Kであり、38～40番目のアミノ酸がA、G、Rであり、43番目のアミノ酸がFであり、45～49番目のアミノ酸がE、T、R、H、Pであり、51～53番目のアミノ酸がV、R、Gであり、55番目のアミノ酸がRであり、57番目のアミノ酸がRであり、61～63番目のアミノ酸がK、W、Vであり、65番目のアミノ酸がEであり、67～69番目のアミノ酸がR、E、Pであり、74番目のアミノ酸がRであり、76～79番目のアミノ酸がW、L、G、Tであり、82番目のアミノ酸がTであり、85～93番目のアミノ酸がM、A、A、R、A、H、D、V、Aであり、96～106番目のアミノ酸がA、L、R、G、R、S、A、C、L、N、Fであり、108～113番目のアミノ酸がD、S、A、W、R、Lであり、116番目のアミノ酸がPであり、124番目のアミノ酸がIであり、128番目のアミノ酸がAであり、130～132番目のアミノ酸がE、

A、Aであり、135番目のアミノ酸がFであり、186と187番目のアミノ酸がAとEであり、190番目のアミノ酸がLであり、194番目のアミノ酸がPであり、212～215番目のアミノ酸がS、L、W、Sである。

\* DREB2A～2H アミノ酸レベル:

DREB2Aの63と64番目のアミノ酸がKとGであり、68～71番目のアミノ酸がG、K、G、Gであり、72番目のアミノ酸がPであり、74番目のアミノ酸がNであり、77番目がCであり、81～85番目のアミノ酸がG、V、R、O、Rであり、87～97番目のアミノ酸がW、G、K、W、V、A、E、I、R、E、Pであり、103～106番目のアミノ酸がL、W、L、Gであり、108番目のアミノ酸がFであり、114と115番目のアミノ酸がAとAであり、117～119番目のアミノ酸がA、Y、Dであり、121番目のアミノ酸がAであり、126と127番目のアミノ酸がYとGであり、130番目のアミノ酸がAであり、182と183番目のアミノ酸がLとNである。

\* DREB1A～1F 塩基レベル:

DREB1Aの71番目の塩基がAであり、82番目の塩基がAであり、86番目の塩基がTであり、88と89番目の塩基がGとCであり、94番目の塩基がAであり、100と101番目の塩基が共にCであり、103～107番目の塩基がA、A、G、A、Aであり、109番目の塩基がCであり、112と113番目の塩基がGとCであり、115と116番目の塩基が共にGであり、119番目の塩基がGであり、121番目の塩基がAであり、127と128番目の塩基が共にTであり、133～137番目の塩基がG、A、G、A、Cであり、139～143番目の塩基がC、G、T、C、Aであり、145と146番目の塩基が共にCであり、149番目の塩基がTであり、151～158番目の塩基がT、A、C、A、G、A、G、Gであり、161番目の塩基がTであり、164番目の塩基がGであり、166番目の塩基がCであり、169と170番目の塩基がAとGであり、173番目の塩基がAであり、178番目の塩基がGであり、181と182番目の塩基が共にAであり、184～188番目の塩基がT、G、G、G、Tであり、190番目の塩基がTであり、193と194番目の塩基がGとAであり、197番目の塩基がTであり、200番目の塩基がGであり、202と203番目の塩基がGとAであり、205と206番目の塩基が共にCであり、208番目の塩基がAであり、212番目の塩基がAであり、215番目の塩基がAであり、221番目の塩基がGであり、224番目の塩基がTであり、226～228番目の塩基がT、G、Gであり、230番目の塩基がTであり、232と233番目の塩基が共にGであり、235と236番目の塩基がAとCであり、238番目の塩基がTであり、241番目の塩基がCであり、244と245番目の塩基がAとCであり、247番目の塩基がGであり、250と251番目の塩基がGとAであり、253～257番目の塩基がA、T、G、G、Cであり、259と260番目の塩基がGとCであり、262と263番目の塩基がCとGであり、265と266番目の塩基がGとCであり、268と269番目の塩基がCとAであり、271と272番目の

塩基が G と A であり、274 と 275 番目の塩基が G と T であり、277 と 278 番目の塩基が G と C であり、280 番目の塩基が G であり、284 番目の塩基が T であり、286 と 287 番目の塩基が G と C であり、289 と 290 番目の塩基が C と T であり、292 と 293 番目の塩基が C と G であり、295 と 296 番目の塩基が共に G であり、299 番目の塩基が G であり、301 と 302 番目の塩基が T と C であり、304 と 305 番目の塩基が G と C であり、307～309 番目の塩基が T、G、T であり、311 番目の塩基が T であり、313 と 314 番目の塩基が共に A であり、316～318 番目の塩基が T、T、C であり、320 番目の塩基が C であり、322 と 323 番目の塩基が G と A であり、325 と 326 番目の塩基が T と C であり、328～333 番目の塩基が G、C、T、T、G、G であり、335 番目の塩基が G であり、338 番目の塩基が T であり、340 番目の塩基が C であり、344 番目の塩基が T であり、346 と 347 番目の塩基が共に C であり、349 番目の塩基が G であり、353 番目の塩基が C であり、355 番目の塩基が A であり、362 番目の塩基が C であり、365 番目の塩基が A であり、370 と 371 番目の塩基が A と T であり、382 と 383 番目の塩基が G と C であり、386 番目の塩基が C であり、388～392 番目の塩基が G、A、A、G、C であり、394 と 395 番目の塩基が G と C であり、399 番目の塩基が G であり、403 と 404 番目の塩基が共に T であり、412 番目の塩基が G であり、428 と 429 番目の塩基が C と G であり、439 番目の塩基が G であり、445 番目の塩基が G であり、462 番目の塩基が G であり、483 と 484 番目の塩基が共に G であり、529 番目の塩基が G であり、533 番目の塩基が T であり、536 番目の塩基が C であり、545 番目の塩基が T であり、550 番目の塩基が A であり、554 番目の塩基が T であり、556 と 557 番目の塩基が G と C であり、559 と 560 番目の塩基が G と A であり、562 番目の塩基が G であり、569 番目の塩基が T であり、572 番目の塩基が T であり、575 と 576 番目の塩基が C と G であり、580 と 581 番目の塩基が共に C であり、582 番目の塩基が G であり、586 と 587 番目の塩基が G と T であり、593 番目の塩基が T であり、599 と 600 番目の塩基が G と A であり、602 番目の塩基が A であり、608 番目の塩基が A であり、613 と 614 番目の塩基が G と A であり、616 番目の塩基が G であり、619 番目の塩基が G であり、625 と 626 番目の塩基が G と A であり、628 番目の塩基が G であり、632 番目の塩基が T であり、634 と 635 番目の塩基が T と C であり、638 番目の塩基が T であり、640～644 番目の塩基が T、G、G、A、G であり、646 番目の塩基が T である。

\* DREB2A～2H 塩基レベル:

DREB2A の 181 番目の塩基が T であり、184 番目の塩基が A であり、187 と 188 番目の塩基が共に A であり、190～192 番目の塩基が G、G、T であり、202 と 203 番目の塩基が共に G であり、205～209 番目の塩基が A、A、A、G、G であり、211 と 212 番目の塩基が共に G であり、214 と 215 番目の塩基が共に C であり、218 番目の塩基が A であり、220 と 221 番目の塩基が共に A であり、229 番目の塩基が T であり、230 番目の塩基が G であり、235 番目の塩基が T であり、241 と 242 番目の塩基が共に G であり、244 と 245

番目の G と T であり、248 番目の塩基が G であり、250 と 251 番目の塩基が C と A であり、254 番目の塩基が G であり、259～263 番目の塩基が T、G、G、G、G であり、265～272 番目の塩基が A、A、A、T、G、G、G、T であり、274 と 275 番目の塩基が G と C であり、277～281 番目の塩基が G、A、G、A、T であり、284 番目の塩基が G であり、286 と 287 番目の塩基が G と A であり、289 と 290 番目の塩基が共に C であり、299 番目の塩基が G であり、308 番目の塩基が T であり、310～314 番目の塩基が T、G、G、C、T であり、316 と 317 番目の塩基が共に G であり、320 番目の塩基が C であり、322 と 323 番目の塩基が共に T であり、328 番目の塩基が A であり、332 番目の塩基が C であり、338 番目の塩基が A であり、340 と 341 番目の塩基が G と C であり、348 と 344 番目の塩基が G と C であり、349～353 番目の塩基が G、C、T、T、A であり、355 と 356 番目の塩基が G と A であり、361 と 362 番目の塩基が G と C であり、365 番目の塩基が C であり、374 番目の塩基が T であり、376 と 377 番目の塩基が T と A であり、379 と 380 番目の塩基が共に G であり、388 と 389 番目の塩基が G と C であり、395 番目の塩基が T であり、397 と 398 番目の塩基が共に A であり、401 番目の塩基が A であり、554 番目の塩基が A であり、572 番目の塩基が T である。

#### 【0027】

上記各種遺伝子をコードするアミノ酸配列からなるタンパク質がDREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する限り、当該アミノ酸配列において少なくとも1個またはそれ以上（複数個、数個）のアミノ酸に欠失、置換、付加などの変異が生じたタンパク質をコードするDREB1かDREB2のファミリー以外の変異型遺伝子は各々の遺伝子と同等のものとして本発明に用いることができる。

#### 【0028】

例えば、これらのアミノ酸配列の少なくとも1個、好ましくは1～160個、さらに好ましくは1～40個、さらにより好ましくは1～20個、最も好ましくは1～5個のアミノ酸が他のアミノ酸に置換したタンパク質をコードする遺伝子も、当該タンパク質がDREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する限り、本発明に用いることができる。

#### 【0029】

また、上記各種遺伝子のDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることができるDNAも、当該DNAがコードするタンパク質がDREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する限り、各々の遺伝子と同等のものとして本発明に用いることができる。ストリンジェントな条件とは、例

例えばナトリウム濃度が、10mM～300mM、好ましくは20～100mMであり、温度が25℃～70℃、好ましくは42℃～55℃での条件をいう[Molecular Cloning (Sambrookら編集(1989)Cold Spring Harbor Lab. Press, New York) ]。

#### 【 0 0 3 0 】

なお、変異型遺伝子は、Kunkel法や Gapped duplex法などの公知の手法又はこれに準ずる方法により、例えば部位特異的突然変異誘発法を利用した変異導入用キット（例えばMutant-K(TAKARA社製)やMutant-G(TAKARA社製)など）を用いて、あるいは、TAKARA社のLA PCR in vitro Mutagenesis シリーズキットを用いて作製することができる。上記突然変異誘発法については、DREB遺伝子の塩基配列を参照すれば、Molecular Cloning (Sambrookら編集(1989) 15 Site-directed Mutagenesis of Cloned DNA, 15.3～15.113 Cold Spring Harbor Lab. Press, New York) 等の文献の記載に従って当業者であれば格別の困難性なしに選択し実施することにより、上記変異型遺伝子を製造することができることは明らかである。さらに当業者であれば、DREB遺伝子の塩基配列を基にして、当該塩基配列から1以上（1または数個以上）の塩基の置換、欠失、挿入又は付加を人為的に行う技術（部位特異的突然変異誘発）については、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 81(1984)5662-5666、W085/00817、Nature 316(1985)601-605、Gene 34(1985)315-323、Nucleic Acids Res. 13(1985)4431-4442、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 79(1982)6409-6413、Science 224(1984)1431-1433等に記載の技術に従って変異体を取得し、これを利用することができる。

#### 【 0 0 3 1 】

さらに、本発明のDREB遺伝子には、DREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する限り、上記のDREB各遺伝子の塩基配列やそれらの各共通塩基配列と80%以上、好ましくは90%以上、より好ましくは94%以上、最も好ましくは99%以上の相同性を有する塩基配列（変異体）も含まれる。ここで、このような相同性の数値は、塩基配列比較用プログラム：例えばGENETYX-MAC version 12.0.0を用いて、デフォルト（初期設定）のパラメーターにより算出されるものである。

#### 【 0 0 3 2 】

このようなDREB遺伝子の塩基配列を含むDNA又はその部分の変異体は、DREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する活性を有していればよく、その活性の高さは特に限定されないが、それぞれ、該塩基配列を含むDNA又はその部分のDREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する活性と同等の活性を実質的に有することが好ましい。ここで、これらのDNA又はその部分の「DREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する活性と同等の活性を実質的に有する」とは、該活性を利用した実際の使用態様において、これらのDNA又はその部分と、同一の条件ではほぼ同様の利用が可能な程度の活性が維持されていることをいう。また、ここでいう該活性は、例えば植物細胞や植物体、好ましくは双子葉植物の細胞や植物体における活性、より好ましくはキク植物の細胞や植物体における活性、最も好ましくはキク栽培品種リネカー (*Chrysanthemum morifolium* cv. Lineker又は*Dendranthema grandiflorum* cv. Lineker) 植物の細胞や植物体における活性をいう。これらの活性の測定は、特許第3178672号公報記載の方法に従って行うことができる。

#### 【0033】

一旦DREB遺伝子の塩基配列が確定されると、その後は化学合成によって、又は本遺伝子のcDNAもしくはゲノムDNAを鋳型としたPCRによって、あるいは該塩基配列を有するDNA断片をプローブとしてハイブリダイズさせることにより、DREB遺伝子を得ることができる。

#### 【0034】

DREB遺伝子は、転写を活性化するタンパク質をコードする遺伝子であるため、該遺伝子を導入した植物は、発現されたDREBタンパク質の作用で種々の遺伝子が活性化され、それに伴うエネルギー消費の増大や代謝の活性化により植物自身の生育が抑制される場合がある。これを防止するため、ストレス負荷時にのみDREB遺伝子が発現されるように、ストレス応答性プロモーターをDREB遺伝子上流に連結することが考えられる。例えば、そのようなプロモーターとしては、例えば以下のものが挙げられる。

rd29A遺伝子プロモーター[Yamaguchi-Shinozaki, K. et al. : Plant Cell, 6:251-264 (1994)]、rd29B遺伝子プロモーター[Yamaguchi-Shinozaki, K. et al. : Pla

nt Cell, 6:251-264 (1994)], rd17遺伝子プロモーター[Iwasaki, T. et al. : Plant Physiol., 115:1287(1997)], rd22遺伝子プロモーター[Iwasaki, T. et al. : Mol. Gen. Genet., 247:391-398(1995)], DREB1A遺伝子プロモーター[Shinwari, Z.K. et al. : Biochem. Biophys. Res. Com. 250:161-170(1998)], cor6.6遺伝子プロモーター[Wang, H. et al. : Plant Mol. Biol. 28:619-634(1995)], cor15a遺伝子プロモーター[Baker, S.S. et al. : Plant Mol. Biol. 24:701-713(1994)], erd1遺伝子プロモーター[Nakashima K. et al. : Plant J. 12:851-861(1997)], およびkin1遺伝子プロモーター[Wang, H. et al. : Plant Mol. Biol. 28:605-617(1995)]である。

#### 【 0 0 3 5 】

但し、ストレス応答性であり、且つ植物細胞や植物体内で機能するものであれば、上記プロモーターに限定されるものではない。なお、これらのプロモーターは、該プロモーターを含むDNAの塩基配列に基づいて設計したプライマーを用いて、ゲノムDNAを鋳型として、PCRによる増幅反応によって得ることができる。具体的には、乾燥ストレス耐性遺伝子の1つであるrd29A遺伝子[Kazuko Yamaguchi-Shinozaki and Kazuo Shinozaki : Plant Cell 6 : 251-264(1994)]のプロモーター領域(rd29A遺伝子の翻訳開始点から-215~-145の領域)を、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)を行い、増幅することにより得ることができる。ここでPCRに用いることができる鋳型DNAとしては、例えばシロイヌナズナのゲノムDNAが挙げられるが、何等これに限定されるものではない。

#### 【 0 0 3 6 】

本発明に使用されるストレス応答性プロモーターにDREB遺伝子が連結した遺伝子として例えばrd29A-DREB1Aが挙げられるが、該遺伝子は特許第3178672号公報の実施例5に記載されている植物プラスミドpBI29AP:DREB1Aに由来するもので Kasugaらの報告[Nature Biotech., 17 287-291(1999)]でも報告されているストレス耐性遺伝子である。

#### 【 0 0 3 7 】

このようなプロモーターについても上記DREB遺伝子同様、プロモーター活性を有する限りにおいて種々の変異体のものを用いることが出来る。該変異体の作成

は、上記DREB遺伝子の記載同様、上記各種プロモーターに関わる文献に記載の塩基配列を参照すれば、当業者であれば格別の困難性なしに実施できる。上記のように取得した変異体がプロモーターとしての活性を有するか否か、さらには、プロモーターを含むDNA又はその部分のプロモーター活性を実質的に保持するか否かは、以下の実施例の記載に従って有用なDREB遺伝子を繋いで宿主細胞内で発現させることにより、各種バイオアッセイ（耐塩性、発根性、切花延命性等）により確かめることができ、このような方法は当業者であれば適宜行うことができる。

#### 【0038】

従って各種の植物細胞や植物体での使用目的に応じて、上記の各種ストレス応答性プロモーターや各種DREB遺伝子を適宜組合わせて選択使用し活性確認することができる。

#### 【0039】

また、必要に応じて転写終結を指令するターミネーターをDREB遺伝子の下流に連結することもできる。ターミネーターとしては、カリフラワーモザイクウイルス由来やノパリン合成酵素遺伝子ターミネーターなどが挙げられる。但し、植物体内で機能することが知られているターミネーターであればこれに限定されるものではない。

#### 【0040】

また、必要に応じてプロモーター配列とDREB遺伝子の間に、遺伝子の発現を増強させる機能を持つイントロン配列、例えばトウモロコシのアルコールデヒドロゲナーゼ(Adh1)のイントロン[Genes & Development 1:1183-1200(1987)]を導入することができる。

#### 【0041】

##### (2) 形質転換植物を作成するためのDNA鎖

本発明の形質転換植物を作成するために、本発明のストレス応答性プロモーターとDREB遺伝子が連結したDNAを含んでなるDNA鎖が用いられる。本発明によるDNA鎖の具体的形態は、例えばプラスミド又はファージDNA中の構成要素の一部として、本発明のストレス応答性プロモーターとDREB遺伝子が連結したDNAが挿入さ



れた形態であってよい。

#### 【0042】

本発明のDNA鎖はさらに、翻訳エンハンサー、翻訳終止コドン、ターミネーター等の構成要素を含むことができる。翻訳エンハンサー、翻訳終止コドン及びターミネーターとしては、公知のものを適宜組み合わせて用いることができる。ウイルス起源の翻訳エンハンサーとしては、例えば、タバコモザイクウイルス、アルファルファモザイクウイルスRNA 4、プロモモザイクウイルスRNA 3、ポテトウイルス X、タバコエッチウイルスなどの配列が挙げられる[Gallieら、Nuc. Acid s Res., 15 (1987) 8693-8711]。また、植物起源の翻訳エンハンサーとして、ダイズの  $\beta$ -1, 3 グルカナーゼ (Glu) 由来の配列[石田功、三沢典彦著、講談社サイエンティフィク編、細胞工学実験操作入門、講談社、p.119、1992]やタバコのフェレドキシン結合性サブユニット (PsaDb) 由来の配列[Yamamotoら、J. Bio l. Chem., 270 (1995) 12466-12470]などが挙げられる。翻訳終止コドンとしてはTAA, TAG, TGAなどの配列が挙げられる[Molecular Cloning 前出等の記載]。ターミネーターとしては、例えば、nos遺伝子のターミネーター、ocs遺伝子のターミネーターなどが挙げられる[Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 44 (1993) 985-994、"Plant genetic transformation and gene expression; a laboratory manual"前出]。また、プロモーター中の転写エンハンサーとして、35Sのエンハンサー部分が同定され、それらを複数個並べて繋げることにより、活性を高めることが報告されており[Plant Cell, 1 (1989) 141-150]、この部分をDNA鎖の一部として用いることも可能である。これらの各種構成要素は、その性質に応じて、それぞれが機能し得る形でDNA鎖中に組み込まれることが好ましい。そのような操作は、当業者であれば適切に行うことができる。

#### 【0043】

上記DNA鎖は、遺伝子工学の分野で慣用されている手法を用いることにより、当業者であれば容易に製造することができる。また、本発明のDNA鎖は、天然の供給源から単離されたものに限定されるものではなく、上記のような構造を有するものであれば、人工的な構築物であってもよい。該DNA鎖は、周知慣用されている核酸合成の方法に従って合成する事により、得ることができる。

**【0044】****(3) 植物の形質転換**

上記(1)において得られた遺伝子によって宿主を形質転換し、得られる形質転換体を培養又は栽培することにより、ストレス応答性エレメント下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質を発現することができ、植物苗の増殖効率および切花の花持ちが改善された形質転換植物体を作製することができる。

**【0045】**

形質転換後の本発明の前記DNA鎖は、プラスミド、ファージ又はゲノムDNAの中に挿入された形で、微生物（特に細菌）、ファージ粒子又は植物の中に存在することができる。ここで、細菌としては、典型的には、大腸菌、アグロバクテリウム等が挙げられるが、これらに限定されるものではない。

**【0046】**

本発明の好ましい実施形態では、本発明のDNA鎖は、タンパク質を発現させようとしている構造遺伝子が、植物体中で安定に発現し得るように、本発明のDNA（プロモーター）、翻訳エンハンサー、構造遺伝子DNA、翻訳終止コドン、及びターミネーター等とが一体に結合して、これがゲノムに挿入された形態で植物中に存在する。

**【0047】**

宿主の好ましい例としては、イネ、ムギ、トウモロコシ、ネギ、ユリ、ラン等の単子葉植物、ダイズ、ナタネ、トマト、バレイショ、キク、バラ、カーネーション、ペチュニア、カスミソウ、シクラメン等の双子葉植物などの細胞が挙げられ、特に好ましい具体例としては、世界での生産流通消費数量が多い3大切花であるキク、カーネーション、バラや近年栄養系でも世界的に生産流通消費量が飛躍的に伸びているペチュニア等の植物細胞などが挙げられる。また、具体的な植物材料としては、例えば、生長点、苗条原基、分裂組織、葉片、茎片、根片、塊茎片、葉柄片、プロトプラスト、カルス、蒴、花粉、花粉管、花柄片、花茎片、花卉、がく片等が挙げられる。

**【0048】**

宿主に外来遺伝子を導入する方法としては、既に報告され、確立されている種

々の方法を適宜利用することができる。その好ましい例として、例えば、生物学的方法としては、ウイルス、アグロバクテリウムのTiプラスミド、Riプラスミド等をベクターとして用いる方法が挙げられ、物理学的方法としては、エレクトロポレーション、ポリエチレングリコール、パーティクルガン、マイクロインジェクション["Plant genetic transformation and gene expression; a laboratory manual"前出]、シリコンニトリドウイスキー、シリコンカーバイドウイスキー[Euphytica 85(1995)75-80、In Vitro Cell. Dev. Biol. 31(1995) 101-104、Plant Science 132(1998)31-43]によって遺伝子を導入する方法等が挙げられる。該導入方法については、当業者であれば適宜選択し、使用することができる。

#### 【0049】

さらに、本発明のDNA鎖で形質転換された植物細胞を再生させることにより、導入された遺伝子とその細胞内で発現する形質転換植物を作成することができる。このような操作は、植物細胞から植物体への再生方法として一般的に知られている方法により、当業者であれば容易に行うことができる。植物細胞から植物体への再生については、例えば、[植物細胞培養マニュアル]や[山田康之編著、講談社サイエンティフィク、1984]等の文献を参照されたい。

#### 【0050】

一般に、植物に導入した遺伝子は、宿主植物のゲノム中に組み込まれるが、その場合、導入されるゲノム上での位置が異なることにより導入遺伝子の発現が異なるポジションイフェクトと呼ばれる現象が見られる。導入遺伝子がより強く発現している形質転換体は、導入遺伝子のDNA断片をプローブとして用いるノーザン法により宿主植物中に発現しているmRNAレベルを検定することによって選抜することができる。

#### 【0051】

本発明に用いる遺伝子を導入した形質転換体植物に目的の遺伝子が組み込まれていることの確認は、これらの細胞及び組織から常法に従ってDNAを抽出し、公知のPCR法又はサザン分析を用いて導入した遺伝子を検出することにより行うことができる。

## 【0052】

## (4) 本発明の形質転換植物

本発明は、ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物体を提供する。イネ、ムギ、トウモロコシ、ネギ、ユリ、ラン等の単子葉植物、ダイズ、ナタネ、トマト、バレイショ、キク、バラ、カーネーション、ペチュニア、カスミソウ、シクラメン等の双子葉植物が挙げられ、特に好ましい具体例としては、世界での生産流通消費数量が多い3大切花であるキク、カーネーション、バラや近年栄養系でも世界的に生産流通消費量が飛躍的に伸びているペチュニア等がある。本発明は増殖効率および発根率が非形質転換植物に比較して向上した上記植物の形質転換植物体の挿し穂、ならびに花持ち（切花延命性）が非形質転換植物に比較して向上した上記植物の形質転換植物体の切り花をも提供する。ここで、「挿し穂」とは挿木の目的で、植物体から切り取って挿すようにした枝、梢、茎および葉等をいい、「切花」とは枝、茎をつけたまま切り取った花をいう。

## 【0053】

## (5) 挿し穂増殖効率および花持ち試験

本発明の形質転換植物は、挿し穂増殖効率、発根率および花持（切花延命性）が非形質転換植物に比較して向上している。

形質転換体植物の挿し穂増殖効率、発根率および花持ち（切花延命性）の評価は、植物生産の状態と同じ条件で効率を測定することによって評価することができる。例えば、キクにおける挿し穂増殖効率や発根率は、挿し穂を挿し穂用土に挿し2～4週間後の生育状態を調べることで、またその後鉢上げをしその成長は茎長などを測ることにより評価することができる。花持ちについては、鉢上げ後約4週間長日栽培し、その後約8週短日栽培を行い開花させる。キクを刈り取り1日暗所に放置後、水に生けその後の状態を観察することにより評価することができる。キクの一般的栽培法は、船越桂市編[切り花栽培の新技术 改訂キク1989誠文堂新光社]を参照されたい。

## 【0054】

## 【実施例】

以下に本発明を実施例によって説明するが、本発明はこれらに限定されるものではない。

〔実施例1〕 DREB1A遺伝子を発現するキク植物体の作製

Kasugaらの報告[Nature Biotech., 17 (1999) 287-291]に記述されているrd29A-DREB1A発現ベクターを図1に記述する。このベクターをエレクトロポレーション法により、アグロバクテリウム・ツメファシエンスAGL0株に導入した。rd29A-DREB1Aを含むアグロバクテリウム・ツメファシエンスAGL0株を下記のYEB-Km培地3mlに接種し、28℃で16時間、暗所で培養した後、遠心により集菌し、下記の感染培地10mlに懸濁して、これを感染液とした。YEB-Km培地及び感染培地の培地組成は、以下の通りである。

## 【0055】

YEB-Km 培地 ; 5g/l ビーフエキス、1g/l 酵母エキス、5g/l ペプトン、5g/l スクロース、2mM 硫酸マグネシウム (pH7.2)、50mg/l カナマイシン (Km)。  
感染培地 ; 1/2 濃度の MS [Murashige & Skoog, Physiol. Plant., 15 (1962) 473-497] 培地の無機塩及びビタミン類、15g/l スクロース、10g/l グルコース、10mM MES (pH5.4)。

## 【0056】

キクの栽培品種である、リネカー (Chrysanthemum morifolium cv. Lineker又はDendranthema grandiflorum cv. Lineker) の無菌個体の葉を5-7mm角に切断し、rd29A-DREB1A発現ベクターを導入したアグロバクテリウム感染液に10分間浸し、過剰な感染液を濾紙上で拭き取った後、下記の共存培地に移植して25℃の暗所で培養した。3日間培養した後、下記の選択培地に移植して3週間培養することにより、Km耐性のカルスを得た。選択培地での培養は25℃、16時間照明 (光密度  $32 \mu\text{E}/\text{m}^2 \text{ s}$ ) / 8時間無照明の条件下で行った。

## 【0057】

共存培地; MS 培地の無機塩及びビタミン類、30g/l スクロース、1mg/l ナフタレン酢酸、2mg/l ベンジルアデニン、8g/l 寒天、5mM MES (pH5.8)、200  $\mu$ M アセトシリンゴン。

選択培地; MS 培地の無機塩及びビタミン類、30g/l スクロース、1mg/l ナフタレン酢酸、2mg/l ベンジルアデニン、8g/l 寒天、5mM MES (pH5.8)、25mg/l カナマイシン (Km)、300mg/l セフトキシム。

## 【0058】

得られたKm耐性のカルスからKmを含む選択培地で、植物体を再生させた。さらに、発根を促進するために、選択培地から植物生長調節物質（ナフタレン酢酸、ベンジルアデニン）を除いた発根促進培地で生長させた。

## 【0059】

生長した植物体の中からDREB遺伝子を含む個体を、PCRを行うことによって検出し、該再分化植物体が形質転換体であることを確認した。ここで、DREB遺伝子特有の配列を特異的に増幅するプライマーとして、GAGTCTTCGGTTTCCTCA（配列番号29）、及びCGATACGTCGTCATCATC（配列番号30）を用いた。PCRの反応条件は、94℃で5分間の加熱後、94℃（30秒）－55℃（1分）－72℃（1分）のサイクルを30回行い、最後に72℃で10分間反応させた。この反応では、酵素としてTaqポリメラーゼ（宝酒造社製）を用いた。

これにより、同遺伝子が導入されたキク13系統が取得できた。

## 【0060】

〔実施例2〕 耐塩性試験

非形質転換体リネカーと実施例1で得られた形質転換体リネカーすべてを下記（in vitro）の生育培地にNaClを0.1, 0.2, 0.4M添加したものに2-3枚の展開した葉をもつ頂芽を置床し2週間後の発根を観察した。rd29A-DREB1A遺伝子を導入していないものは0.2Mで発根が見られなくなったが、DREB遺伝子を導入したものは、系統14を除きすべて0.2Mで発根が認められ系統9では0.4Mでも発根が認められた。非形質転換体、系統番号9、系統番号10について以下の表1に示す。

## 【0061】

生育培地; MS 培地の無機塩及びビタミン類、30g/l スクロース、5mM MES (pH5.8)

## 【0062】

【表1】

耐塩性試験

系統番号	添加塩濃度(M)			
	0	0.1	0.2	0.4
9	+	+	+	+
10	+	+	+	-
非形質転換体	+	+	-	-

## 【0063】

## 【実施例3】 挿し穂増殖およびその後の成長試験

非形質転換体リネカーと【実施例1】で得られた形質転換体リネカーのうち系統9と系統10を温室で馴化し、挿し穂をとるための母株を作成した。それぞれから20本ずつの挿し穂をとり、十分湿らせた発根用土（赤玉土：鹿沼土＝1：1）に挿して通気性のある保湿カバーをし温室内で栽培した。21日後、発根用土から根を痛めないように回収し発根状態を観察した。発根が認められないもの（無）、発根量の大きいものから少なく小さいものを順に（大・中・小）で分類しその数を記述した結果を以下の表2と図10に示す。驚くべきことにrd29A-DREB1A遺伝子の導入された系統9と系統10については非形質転換体リネカーに比べ、発根性が著しく向上した。

## 【0064】

【表 2】

## 挿し穂生産時の発根性試験

系統番号	発根状態（個体数）				計
	大	中	小	無	
9	4	10	5	1	20
10	6	7	6	1	20
非形質転換体	1	8	7	4	20

## 【0 0 6 5】

また、別に上記と同様の方法で挿し穂を18-20個体取得し、そのうち発根が良好なもの（上記区分で大と中）から10個体を選びビニールポットに定植した。その後の成長を検討するために茎長をはかることで記録したものが図 1 1 である。この図からもわかるように、rd29A-DREB1A遺伝子の導入された系統 9 と系統10については非形質転換体リネカーに比べ、発根性がよいだけでなくその後の生育も良好であることが示された。

## 【0 0 6 6】

## 〔実施例 4〕 花持ち試験

実施例 3 で得られた非形質転換体リネカーと形質転換体リネカーの系統 9 と系統 1 0 のそれぞれ10個体を、その後、長日（明期18時間暗期6時間）条件で4週間長日栽培し、その後短日条件（明期10時間暗期14時間）で開花させた。先端の4-5輪開花した後、地上部を切断した。2時間30分、水道水の入ったバケツに挿し冷暗所に保存した。その後、17時間出荷用のダンボールにいれ室温で放置したのち水道水で生け、花持ち試験を行った。条件は11時間30分間、室内の蛍光灯を連続点灯した場所に放置し、2-3日ごとに生けている水道水を交換した。

## 【0 0 6 7】

花持ち試験開始、約 2 週間においては、非形質転換体リネカーと形質転換体リネカーでは差は認められなかったが、16日後に両形質転換系統では、切口の数センチ上部の茎より発根を認め、22日後では、非形質転換系統では全く見られなかった発根が、形質転換系統の大部分の個体で発根が観察できた（図 1 2、表 3）。それに従い、発根した個体は発根していない個体と比較して明らかに植物の状



態（花や茎・葉においての勢い・しおれ）が良く花持ちの延長が見られた（表4）。

【0068】

【表3】

花持ち試験時の発根状態

系統番号	発根個体数				計
	開始後（日）	1	16	22	
9		0	8	8	10
10		0	2	9	10
非形質転換体		0	0	0	10

【0069】

【表4】

花持ち試験開始 22 日目での切り花の状態（個体数）

系統番号	花の状態*1		茎・葉の状態*2		計
	良好	不良	良好	不良	
9	8	2	8	2	10
10	9	1	9	1	10
非形質転換体	0	10	0	10	10

いずれも良好な状態を示した個体は発根していた。

【0070】

【発明の効果】

実施例に示すように、乾燥ストレス応答性エレメント(DRE; dehydration responsive element)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAをストレス応答性プロモーターの下流に連結した遺伝子（ストレス耐性遺伝子）を用いて形質転換を行った植物は、非形質転換植物に比較して発根率が向上し、および／または切花の花持ちが延長されている。また、該形質転換植物は発根後の生長も良好である。従って、本発明のDREB遺伝子を植物に導入する方法は、挿し木増殖での効率や発根率を高め、切花の花持ちが延長された植物の開発に有用である。

## 【配列表】

## SEQUENCE LISTING

<110> Kirin Beer Kabushiki Kaisha; Japan International Research Center for Agricultural Sciences

<120> A production of plants having improved rooting efficiency and vase life by using environmental stress-resistant gene

<130> P02-0988

<140>

<141>

<160> 30

<210> 1

<211> 933

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (119)..(766)

<400> 1

cctgaactag aacagaaaga gagagaaact attatttcag caaaccatac caacaaaaaa 60

gacagagatc ttttagttac cttatccagt ttcttgaaac agagtactct tctgatca 118

atg aac tca ttt tct gct ttt tct gaa atg ttt ggc tcc gat tac gag 166

Met Asn Ser Phe Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly Ser Asp Tyr Glu

1	5	10	15	
tct tcg gtt tcc tca ggc ggt gat tat att ccg acg ctt gcg agc agc	214			
Ser Ser Val Ser Ser Gly Gly Asp Tyr Ile Pro Thr Leu Ala Ser Ser				
20	25	30		
tgc ccc aag aaa ccg gcg ggt cgt aag aag ttt cgt gag act cgt cac	262			
Cys Pro Lys Lys Pro Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg Glu Thr Arg His				
35	40	45		
cca ata tac aga gga gtt cgt cgg aga aac tcc ggt aag tgg gtt tgt	310			
Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg Arg Arg Asn Ser Gly Lys Trp Val Cys				
50	55	60		
gag gtt aga gaa cca aac aag aaa aca agg att tgg ctc gga aca ttt	358			
Glu Val Arg Glu Pro Asn Lys Lys Thr Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe				
65	70	75	80	
caa acc gct gag atg gca gct cga gct cac gac gtt gcc gct tta gcc	406			
Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Ala Leu Ala				
85	90	95		
ctt cgt ggc cga tca gcc tgt ctc aat ttc gct gac tcg gct tgg aga	454			
Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg				
100	105	110		
ctc cga atc ccg gaa tca act tgc gct aag gac atc caa aag gcg gcg	502			
Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Asp Ile Gln Lys Ala Ala				
115	120	125		
gct gaa gct gcg ttg gcg ttt cag gat gag atg tgt gat gcg acg acg	550			
Ala Glu Ala Ala Leu Ala Phe Gln Asp Glu Met Cys Asp Ala Thr Thr				
130	135	140		
gat cat ggc ttc gac atg gag gag acg ttg gtg gag gct att tac acg	598			
Asp His Gly Phe Asp Met Glu Glu Thr Leu Val Glu Ala Ile Tyr Thr				
145	150	155	160	
gcg gaa cag agc gaa aat gcg ttt tat atg cac gat gag gcg atg ttt	646			

$\langle 210 \rangle$  2

<211> 216

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 2

出証特 2 0 0 4 - 3 0 2 1 2 3 4

Glu Val Arg Glu Pro Asn Lys Lys Thr Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe  
65 70 75 80  
Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Ala Leu Ala  
85 90 95  
Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg  
100 105 110  
Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Asp Ile Gln Lys Ala Ala  
115 120 125  
Ala Glu Ala Ala Leu Ala Phe Gln Asp Glu Met Cys Asp Ala Thr Thr  
130 135 140  
Asp His Gly Phe Asp Met Glu Glu Thr Leu Val Glu Ala Ile Tyr Thr  
145 150 155 160  
Ala Glu Gln Ser Glu Asn Ala Phe Tyr Met His Asp Glu Ala Met Phe  
165 170 175  
Glu Met Pro Ser Leu Leu Ala Asn Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro  
180 185 190  
Leu Pro Ser Val Gln Trp Asn His Asn His Glu Val Asp Gly Asp Asp  
195 200 205  
Asp Asp Val Ser Leu Trp Ser Tyr  
210 215

&lt;210&gt; 3

&lt;211&gt; 1437

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (167)..(1171)

&lt;400&gt; 3

```

gctgtctgat aaaaagaaga ggaaaactcg aaaaagctac acacaagaag aagaagaaaa 60
gatacgagca agaagactaa acacgaaagc gatttatcaa ctcgaaggaa gagactttga 120
ttttcaaatt tcgtccccta tagatttgtgt tgtttctggg aaggag atg gca gtt 175
                                         Met Ala Val
                                         1
tat gat cag agt gga gat aga aac aga aca caa att gat aca tcg agg 223
Tyr Asp Gln Ser Gly Asp Arg Asn Arg Thr Gln Ile Asp Thr Ser Arg
      5              10              15
aaa agg aaa tct aga agt aga ggt gac ggt act act gtg gct gag aga 271
Lys Arg Lys Ser Arg Ser Arg Gly Asp Gly Thr Thr Val Ala Glu Arg
      20              25              30              35
tta aag aga tgg aaa gag tat aac gag acc gta gaa gaa gtt tct acc 319
Leu Lys Arg Trp Lys Glu Tyr Asn Glu Thr Val Glu Glu Val Ser Thr
              40              45              50
aag aag agg aaa gta cct gcg aaa ggg tcg aag aag ggt tgt atg aaa 367
Lys Lys Arg Lys Val Pro Ala Lys Gly Ser Lys Lys Gly Cys Met Lys
              55              60              65
ggt aaa gga gga cca gag aat agc cga tgt agt ttc aga gga gtt agg 415
Gly Lys Gly Gly Pro Glu Asn Ser Arg Cys Ser Phe Arg Gly Val Arg
              70              75              80
caa agg att tgg ggt aaa tgg gtt gct gag atc aga gag cct aat cga 463
Gln Arg Ile Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Asn Arg
              85              90              95
ggt agc agg ctt tgg ctt ggt act ttc cct act gct caa gaa gct gct 511
Gly Ser Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Pro Thr Ala Gln Glu Ala Ala
      100              105              110              115
tct gct tat gat gag gct gct aaa gct atg tat ggt cct ttg gct cgt 559

```

Ser Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Lys Ala Met Tyr Gly Pro Leu Ala Arg  
 120 125 130  
 ctt aat ttc cct cgg tct gat gcg tct gag gtt acg agt acc tca agt 607  
 Leu Asn Phe Pro Arg Ser Asp Ala Ser Glu Val Thr Ser Thr Ser Ser  
 135 140 145  
 cag tct gag gtg tgt act gtt gag act cct ggt tgt gtt cat gtg aaa 655  
 Gln Ser Glu Val Cys Thr Val Glu Thr Pro Gly Cys Val His Val Lys  
 150 155 160  
 aca gag gat cca gat tgt gaa tct aaa ccc ttc tcc ggt gga gtg gag 703  
 Thr Glu Asp Pro Asp Cys Glu Ser Lys Pro Phe Ser Gly Gly Val Glu  
 165 170 175  
 ccg atg tat tgt ctg gag aat ggt gcg gaa gag atg aag aga ggt gtt 751  
 Pro Met Tyr Cys Leu Glu Asn Gly Ala Glu Glu Met Lys Arg Gly Val  
 180 185 190 195  
 aaa gcg gat aag cat tgg ctg agc gag ttt gaa cat aac tat tgg agt 799  
 Lys Ala Asp Lys His Trp Leu Ser Glu Phe Glu His Asn Tyr Trp Ser  
 200 205 210  
 gat att ctg aaa gag aaa gag aaa cag aag gag caa ggg att gta gaa 847  
 Asp Ile Leu Lys Glu Lys Glu Lys Gln Lys Glu Gln Gly Ile Val Glu  
 215 220 225  
 acc tgt cag caa caa cag cag gat tcg cta tct gtt gca gac tat ggt 895  
 Thr Cys Gln Gln Gln Gln Gln Asp Ser Leu Ser Val Ala Asp Tyr Gly  
 230 235 240  
 tgg ccc aat gat gtg gat cag agt cac ttg gat tct tca gac atg ttt 943  
 Trp Pro Asn Asp Val Asp Gln Ser His Leu Asp Ser Ser Asp Met Phe  
 245 250 255  
 gat gtc gat gag ctt cta cgt gac cta aat ggc gac gat gtg ttt gca 991  
 Asp Val Asp Glu Leu Leu Arg Asp Leu Asn Gly Asp Asp Val Phe Ala  
 260 265 270 275

ggc tta aat cag gac cgg tac ccg ggg aac agt gtt gcc aac ggt tca 1039  
 Gly Leu Asn Gln Asp Arg Tyr Pro Gly Asn Ser Val Ala Asn Gly Ser  
 280 285 290  
 tac agg ccc gag agt caa caa agt ggt ttt gat ccg cta caa agc ctc 1087  
 Tyr Arg Pro Glu Ser Gln Gln Ser Gly Phe Asp Pro Leu Gln Ser Leu  
 295 300 305  
 aac tac gga ata cct ccg ttt cag ctc gag gga aag gat ggt aat gga 1135  
 Asn Tyr Gly Ile Pro Pro Phe Gln Leu Glu Gly Lys Asp Gly Asn Gly  
 310 315 320  
 ttc ttc gac gac ttg agt tac ttg gat ctg gag aac taaacaaaac 1181  
 Phe Phe Asp Asp Leu Ser Tyr Leu Asp Leu Glu Asn  
 325 330 335  
 aatatgaagc tttttggatt tgatatattgc cttaatccca caacgactgt tgattctcta 1241  
 tccgagtttt agtgatatag agaactacag aacacgtttt ttcttgttat aaaggtgaac 1301  
 tgtatatatc gaaacagtga tatgacaata gagaagacaa ctatagtttg ttagtctgct 1361  
 tctcttaagt tgttcttttag atatgtttta tgttttgtaa caacaggaat gaataataca 1421  
 cacttgtaaa aaaaaa 1437

&lt;210&gt; 4

&lt;211&gt; 335

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 4

Met Ala Val Tyr Asp Gln Ser Gly Asp Arg Asn Arg Thr Gln Ile Asp  
 1 5 10 15  
 Thr Ser Arg Lys Arg Lys Ser Arg Ser Arg Gly Asp Gly Thr Thr Val  
 20 25 30  
 Ala Glu Arg Leu Lys Arg Trp Lys Glu Tyr Asn Glu Thr Val Glu Glu



35	40	45
Val Ser Thr Lys Lys Arg Lys Val Pro Ala Lys Gly Ser Lys Lys Gly		
50	55	60
Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly Pro Glu Asn Ser Arg Cys Ser Phe Arg		
65	70	75
Gly Val Arg Gln Arg Ile Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu		
85	90	95
Pro Asn Arg Gly Ser Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Pro Thr Ala Gln		
100	105	110
Glu Ala Ala Ser Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Lys Ala Met Tyr Gly Pro		
115	120	125
Leu Ala Arg Leu Asn Phe Pro Arg Ser Asp Ala Ser Glu Val Thr Ser		
130	135	140
Thr Ser Ser Gln Ser Glu Val Cys Thr Val Glu Thr Pro Gly Cys Val		
145	150	155
His Val Lys Thr Glu Asp Pro Asp Cys Glu Ser Lys Pro Phe Ser Gly		
165	170	175
Gly Val Glu Pro Met Tyr Cys Leu Glu Asn Gly Ala Glu Glu Met Lys		
180	185	190
Arg Gly Val Lys Ala Asp Lys His Trp Leu Ser Glu Phe Glu His Asn		
195	200	205
Tyr Trp Ser Asp Ile Leu Lys Glu Lys Glu Lys Gln Lys Glu Gln Gly		
210	215	220
Ile Val Glu Thr Cys Gln Gln Gln Gln Gln Asp Ser Leu Ser Val Ala		
225	230	235
Asp Tyr Gly Trp Pro Asn Asp Val Asp Gln Ser His Leu Asp Ser Ser		
245	250	255
Asp Met Phe Asp Val Asp Glu Leu Leu Arg Asp Leu Asn Gly Asp Asp		
260	265	270

Val Phe Ala Gly Leu Asn Gln Asp Arg Tyr Pro Gly Asn Ser Val Ala  
 275 280 285  
 Asn Gly Ser Tyr Arg Pro Glu Ser Gln Gln Ser Gly Phe Asp Pro Leu  
 290 295 300  
 Gln Ser Leu Asn Tyr Gly Ile Pro Pro Phe Gln Leu Glu Gly Lys Asp  
 305 310 315 320  
 Gly Asn Gly Phe Phe Asp Asp Leu Ser Tyr Leu Asp Leu Glu Asn  
 325 330 335

<210> 5

<211> 937

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (164)..(802)

<400> 5

cttgaaaaag aatctacctg aaaagaaaaa aaagagagag agatataaat agctttacca 60  
 agacagatat actatctttt attaatccaa aaagactgag aactctagta actacgtact 120  
 acttaaacct tatccagttt cttgaaacag agtactctga tca atg aac tca ttt 175  
 Met Asn Ser Phe  
 1  
 tca gct ttt tct gaa atg ttt ggc tcc gat tac gag cct caa ggc gga 223  
 Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly Ser Asp Tyr Glu Pro Gln Gly Gly  
 5 10 15 20  
 gat tat tgt ccg acg ttg gcc acg agt tgt ccg aag aaa ccg gcg ggc 271

Asp Tyr Cys Pro Thr Leu Ala Thr Ser Cys Pro Lys Lys Pro Ala Gly	
25 30 35	
cgt aag aag ttt cgt gag act cgt cac cca att tac aga gga gtt cgt	319
Arg Lys Lys Phe Arg Glu Thr Arg His Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg	
40 45 50	
caa aga aac tcc ggt aag tgg gtt tct gaa gtg aga gag cca aac aag	367
Gln Arg Asn Ser Gly Lys Trp Val Ser Glu Val Arg Glu Pro Asn Lys	
55 60 65	
aaa acc agg att tgg ctc ggg act ttc caa acc gct gag atg gca gct	415
Lys Thr Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala	
70 75 80	
cgt gct cac gac gtc gct gca tta gcc ctc cgt ggc cga tca gca tgt	463
Arg Ala His Asp Val Ala Ala Leu Ala Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys	
85 90 95 100	
ctc aac ttc gct gac tcg gct tgg cgg cta cga atc ccg gag tca aca	511
Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr	
105 110 115	
tgc gcc aag gat atc caa aaa gcg gct gct gaa gcg gcg ttg gct ttt	559
Cys Ala Lys Asp Ile Gln Lys Ala Ala Ala Glu Ala Ala Leu Ala Phe	
120 125 130	
caa gat gag acg tgt gat acg acg acc acg aat cat ggc ctg gac atg	607
Gln Asp Glu Thr Cys Asp Thr Thr Thr Thr Asn His Gly Leu Asp Met	
135 140 145	
gag gag acg atg gtg gaa gct att tat aca ccg gaa cag agc gaa ggt	655
Glu Glu Thr Met Val Glu Ala Ile Tyr Thr Pro Glu Gln Ser Glu Gly	
150 155 160	
gcg ttt tat atg gat gag gag aca atg ttt ggg atg ccg act ttg ttg	703
Ala Phe Tyr Met Asp Glu Glu Thr Met Phe Gly Met Pro Thr Leu Leu	
165 170 175 180	

gat aat atg gct gaa ggc atg ctt tta ccg ccg ccg tct gtt caa tgg 751

Asp Asn Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro Pro Pro Ser Val Gln Trp

185

190

195

aat cat aat tat gac ggc gaa gga gat ggt gac gtg tcg ctt tgg agt 799

Asn His Asn Tyr Asp Gly Glu Gly Asp Gly Asp Val Ser Leu Trp Ser

200

205

210

tac taatattcga tagtcgtttc catttttgta ctatagtttg aaaatattct 852

Tyr

agttcctttt tttagaatgg ttccttcatt ttattttatt ttattgttgt agaaacgagt 912

ggaaaataat tcaatacaaa aaaaa 937

<210> 6

<211> 213

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 6

Met Asn Ser Phe Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly Ser Asp Tyr Glu

1

5

10

15

Pro Gln Gly Gly Asp Tyr Cys Pro Thr Leu Ala Thr Ser Cys Pro Lys

20

25

30

Lys Pro Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg Glu Thr Arg His Pro Ile Tyr

35

40

45

Arg Gly Val Arg Gln Arg Asn Ser Gly Lys Trp Val Ser Glu Val Arg

50

55

60

Glu Pro Asn Lys Lys Thr Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe Gln Thr Ala

65

70

75

80

Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Ala Leu Ala Leu Arg Gly

85

90

95

Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg Leu Arg Ile  
                   100                  105                  110  
 Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Asp Ile Gln Lys Ala Ala Ala Glu Ala  
                   115                  120                  125  
 Ala Leu Ala Phe Gln Asp Glu Thr Cys Asp Thr Thr Thr Thr Asn His  
                   130                  135                  140  
 Gly Leu Asp Met Glu Glu Thr Met Val Glu Ala Ile Tyr Thr Pro Glu  
                   145                  150                  155                  160  
 Gln Ser Glu Gly Ala Phe Tyr Met Asp Glu Glu Thr Met Phe Gly Met  
                   165                  170                  175  
 Pro Thr Leu Leu Asp Asn Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro Pro Pro  
                   180                  185                  190  
 Ser Val Gln Trp Asn His Asn Tyr Asp Gly Glu Gly Asp Gly Asp Val  
                   195                  200                  205  
 Ser Leu Trp Ser Tyr  
                   210

&lt;210&gt; 7

&lt;211&gt; 944

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (135)..(782)

&lt;400&gt; 7

cctgaattag aaaagaaaga tagatagaga aataaatatt ttatcatacc atacaaaaaa 60  
 agacagagat cttctactta ctctactctc ataaacctta tccagtttct tgaaacagag 120

tactcttctg atca atg aac tca ttt tct gcc ttt tct gaa atg ttt ggc	170
Met Asn Ser Phe Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly	
1 5 10	
tcc gat tac gag tct ccg gtt tcc tca ggc ggt gat tac agt ccg aag	218
Ser Asp Tyr Glu Ser Pro Val Ser Ser Gly Gly Asp Tyr Ser Pro Lys	
15 20 25	
ctt gcc acg agc tgc ccc aag aaa cca gcg gga agg aag aag ttt cgt	266
Leu Ala Thr Ser Cys Pro Lys Lys Pro Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg	
30 35 40	
gag act cgt cac cca att tac aga gga gtt cgt caa aga aac tcc ggt	314
Glu Thr Arg His Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg Gln Arg Asn Ser Gly	
45 50 55 60	
aag tgg gtg tgt gag ttg aga gag cca aac aag aaa acg agg att tgg	362
Lys Trp Val Cys Glu Leu Arg Glu Pro Asn Lys Lys Thr Arg Ile Trp	
65 70 75	
ctc ggg act ttc caa acc gct gag atg gca gct cgt gct cac gac gtc	410
Leu Gly Thr Phe Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val	
80 85 90	
gcc gcc ata gct ctc cgt ggc aga tct gcc tgt ctc aat ttc gct gac	458
Ala Ala Ile Ala Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp	
95 100 105	
tcg gct tgg cgg cta cga atc ccg gaa tca acc tgt gcc aag gaa atc	506
Ser Ala Trp Arg Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Glu Ile	
110 115 120	
caa aag gcg gcg gct gaa gcc gcg ttg aat ttt caa gat gag atg tgt	554
Gln Lys Ala Ala Ala Glu Ala Ala Leu Asn Phe Gln Asp Glu Met Cys	
125 130 135 140	
cat atg acg acg gat gct cat ggt ctt gac atg gag gag acc ttg gtg	602
His Met Thr Thr Asp Ala His Gly Leu Asp Met Glu Glu Thr Leu Val	

145	150	155	
gag gct att tat acg ccg gaa cag agc caa gat gcg ttt tat atg gat			650
Glu Ala Ile Tyr Thr Pro Glu Gln Ser Gln Asp Ala Phe Tyr Met Asp			
160	165	170	
gaa gag gcg atg ttg ggg atg tct agt ttg ttg gat aac atg gcc gaa			698
Glu Glu Ala Met Leu Gly Met Ser Ser Leu Leu Asp Asn Met Ala Glu			
175	180	185	
ggg atg ctt tta ccg tcg ccg tcg gtt caa tgg aac tat aat ttt gat			746
Gly Met Leu Leu Pro Ser Pro Ser Val Gln Trp Asn Tyr Asn Phe Asp			
190	195	200	
gtc gag gga gat gat gac gtg tcc tta tgg agc tat taaaattcga			792
Val Glu Gly Asp Asp Asp Val Ser Leu Trp Ser Tyr			
205	210	215	
tttttatttc catttttgggt attatagctt tttatacatt tgatcctttt ttagaatgga			852
tcttcttctt tttttgggttg tgagaaacga atgtaaattgg taaaagttgt tgtcaaatgc			912
aaatgttttt gagtgcagaa tatataatct tt			944

&lt;210&gt; 8

&lt;211&gt; 216

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 8

Met Asn Ser Phe Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly Ser Asp Tyr Glu											
1	5	10	15								
Ser Pro Val Ser Ser Gly Gly Asp Tyr Ser Pro Lys Leu Ala Thr Ser											
20	25	30									
Cys Pro Lys Lys Pro Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg Glu Thr Arg His											
35	40	45									

Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg Gln Arg Asn Ser Gly Lys Trp Val Cys

50

55

60

Glu Leu Arg Glu Pro Asn Lys Lys Thr Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe

65

70

75

80

Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Ala Ile Ala

85

90

95

Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg

100

105

110

Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Glu Ile Gln Lys Ala Ala

115

120

125

Ala Glu Ala Ala Leu Asn Phe Gln Asp Glu Met Cys His Met Thr Thr

130

135

140

Asp Ala His Gly Leu Asp Met Glu Glu Thr Leu Val Glu Ala Ile Tyr

145

150

155

160

Thr Pro Glu Gln Ser Gln Asp Ala Phe Tyr Met Asp Glu Glu Ala Met

165

170

175

Leu Gly Met Ser Ser Leu Leu Asp Asn Met Ala Glu Gly Met Leu Leu

180

185

190

Pro Ser Pro Ser Val Gln Trp Asn Tyr Asn Phe Asp Val Glu Gly Asp

195

200

205

Asp Asp Val Ser Leu Trp Ser Tyr

210

215

&lt;210&gt; 9

&lt;211&gt; 1513

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;220&gt;



<221> CDS

<222> (183)..(1172)

<220>

<221> misc\_feature

<222> (1443), (1444), (1447), (1450), (1459), (1472), (1495), (1508), (1510)

<223> n is A, C, G or T

<400> 9

```

gagacgctag aaagaacgcg aaagcttgcg aagaagattt gcttttgatc gacttaacac   60
gaacaacaaa caacatctgc gtgataaaga agagattttt gcctaaataa agaagagatt  120
cgactctaatt cctggagtta tcattcacga tagattctta gattgcgact ataaagaaga  180
ag atg gct gta tat gaa caa acc gga acc gag cag ccg aag aaa agg    227
    Met Ala Val Tyr Glu Gln Thr Gly Thr Glu Gln Pro Lys Lys Arg
      1           5           10           15
aaa tct agg gct cga gca ggt ggt tta acg gtg gct gat agg cta aag    275
Lys Ser Arg Ala Arg Ala Gly Gly Leu Thr Val Ala Asp Arg Leu Lys
           20           25           30
aag tgg aaa gag tac aac gag att gtt gaa gct tcg gct gtt aaa gaa    323
Lys Trp Lys Glu Tyr Asn Glu Ile Val Glu Ala Ser Ala Val Lys Glu
           35           40           45
gga gag aaa ccg aaa cgc aaa gtt cct gcg aaa ggg tcg aag aaa ggt    371
Gly Glu Lys Pro Lys Arg Lys Val Pro Ala Lys Gly Ser Lys Lys Gly
           50           55           60
tgt atg aag ggt aaa gga gga cca gat aat tct cac tgt agt ttt aga    419
Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly Pro Asp Asn Ser His Cys Ser Phe Arg
           65           70           75
gga gtt aga caa agg att tgg ggt aaa tgg gtt gca gag att cga gaa    467

```

出証特 2 0 0 4 - 3 0 2 1 2 3 4

caa cag gaa cag caa cag caa cag ctg caa ccg gat ttg ctt act gtt 947  
 Gln Gln Glu Gln Gln Gln Gln Gln Leu Gln Pro Asp Leu Leu Thr Val  
 240 245 250 255  
 gca gat tac ggt tgg cct tgg tct aat gat att gta aat gat cag act 995  
 Ala Asp Tyr Gly Trp Pro Trp Ser Asn Asp Ile Val Asn Asp Gln Thr  
 260 265 270  
 tct tgg gat cct aat gag tgc ttt gat att aat gaa ctc ctt gga gat 1043  
 Ser Trp Asp Pro Asn Glu Cys Phe Asp Ile Asn Glu Leu Leu Gly Asp  
 275 280 285  
 ttg aat gaa cct ggt ccc cat cag agc caa gac caa aac cac gta aat 1091  
 Leu Asn Glu Pro Gly Pro His Gln Ser Gln Asp Gln Asn His Val Asn  
 290 295 300  
 tct ggt agt tat gat ttg cat ccg ctt cat ctc gag cca cac gat ggt 1139  
 Ser Gly Ser Tyr Asp Leu His Pro Leu His Leu Glu Pro His Asp Gly  
 305 310 315  
 cac gag ttc aat ggt ttg agt tct ctg gat att tgagagttct gaggcaatgg 1192  
 His Glu Phe Asn Gly Leu Ser Ser Leu Asp Ile  
 320 325 330  
 tcctacaaga ctacaacata atctttggat tgatcatagg agaaacaaga aataggtggt 1252  
 aatgatctga ttcacaatga aaaaatattt aataactcta tagtttttgt tctttccttg 1312  
 gatcatgaac tggtgcttct catctattga gttaatatag cgaatagcag agttttctctc 1372  
 tttcttctct ttgtagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaayh sakmabgcar 1432  
 srcsdvsnaa nntnatnar sarchentrr agrctrascn csrcaash tskbabarak 1492  
 aantamaysa kmasrngnga c 1513

&lt;210&gt; 10

&lt;211&gt; 330

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 10

Met Ala Val Tyr Glu Gln Thr Gly Thr Glu Gln Pro Lys Lys Arg Lys  
 1 5 10 15  
 Ser Arg Ala Arg Ala Gly Gly Leu Thr Val Ala Asp Arg Leu Lys Lys  
 20 25 30  
 Trp Lys Glu Tyr Asn Glu Ile Val Glu Ala Ser Ala Val Lys Glu Gly  
 35 40 45  
 Glu Lys Pro Lys Arg Lys Val Pro Ala Lys Gly Ser Lys Lys Gly Cys  
 50 55 60  
 Met Lys Gly Lys Gly Gly Pro Asp Asn Ser His Cys Ser Phe Arg Gly  
 65 70 75 80  
 Val Arg Gln Arg Ile Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro  
 85 90 95  
 Lys Ile Gly Thr Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Pro Thr Ala Glu Lys  
 100 105 110  
 Ala Ala Ser Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Thr Ala Met Tyr Gly Ser Leu  
 115 120 125  
 Ala Arg Leu Asn Phe Pro Gln Ser Val Gly Ser Glu Phe Thr Ser Thr  
 130 135 140  
 Ser Ser Gln Ser Glu Val Cys Thr Val Glu Asn Lys Ala Val Val Cys  
 145 150 155 160  
 Gly Asp Val Cys Val Lys His Glu Asp Thr Asp Cys Glu Ser Asn Pro  
 165 170 175  
 Phe Ser Gln Ile Leu Asp Val Arg Glu Glu Ser Cys Gly Thr Arg Pro  
 180 185 190  
 Asp Ser Cys Thr Val Gly His Gln Asp Met Asn Ser Ser Leu Asn Tyr  
 195 200 205  
 Asp Leu Leu Leu Glu Phe Glu Gln Gln Tyr Trp Gly Gln Val Leu Gln

210	215	220
Glu Lys Glu Lys Pro Lys Gln Glu Glu Glu Glu Ile Gln Gln Gln Gln		
225	230	235
Gln Glu Gln Gln Gln Gln Gln Leu Gln Pro Asp Leu Leu Thr Val Ala		240
	245	250
Asp Tyr Gly Trp Pro Trp Ser Asn Asp Ile Val Asn Asp Gln Thr Ser		255
	260	265
Trp Asp Pro Asn Glu Cys Phe Asp Ile Asn Glu Leu Leu Gly Asp Leu		270
	275	280
Asn Glu Pro Gly Pro His Gln Ser Gln Asp Gln Asn His Val Asn Ser		285
	290	295
Gly Ser Tyr Asp Leu His Pro Leu His Leu Glu Pro His Asp Gly His		300
	305	310
Glu Phe Asn Gly Leu Ser Ser Leu Asp Ile		315
	325	330

&lt;210&gt; 11

&lt;211&gt; 675

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 11

atgaatccat ttactctac attcccagac tcgtttctct caatctccga tcatagatct 60  
 ccggtttcag acagtagtga gtgttcacca aagttagctt caagttgtcc aaagaaacga 120  
 gctgggagga agaagtttcg tgagacacgt catccgattt acagaggagt tcgtcagagg 180  
 aattctggta aatgggtttg tgaagttaga gagcctaata agaaatctag gatttggtta 240  
 ggtacttttc cgacggttga aatggctgct cgtgctcatg atgttgctgc tttagctctt 300  
 cgtggctgct ctgcttgtct caatttcgct gattctgctt ggcggcttcg tttcctgag 360  
 actacttgct ctaaggagat tcagaaagct gcgtctgaag ctgcaatggc gtttcagaat 420

gagactacga cggagggatc taaaactgcg gcggaggcag aggaggcggc aggggagggg 480  
 gtgagggagg gggagaggag ggcggaggag cagaatggtg gtgtgtttta tatggatgat 540  
 gaggcgcttt tggggatgcc caactttttt gagaatatgg cggaggggat gcttttgccg 600  
 ccgccggaag ttggctggaa tcataacgac ttgacggag tgggtgacgt gtcactctgg 660  
 agttttgacg agtaa 675

<210> 12

<211> 224

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 12

Met Asn Pro Phe Tyr Ser Thr Phe Pro Asp Ser Phe Leu Ser Ile Ser

1 5 10 15

Asp His Arg Ser Pro Val Ser Asp Ser Ser Glu Cys Ser Pro Lys Leu

20 25 30

Ala Ser Ser Cys Pro Lys Lys Arg Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg Glu

35 40 45

Thr Arg His Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg Gln Arg Asn Ser Gly Lys

50 55 60

Trp Val Cys Glu Val Arg Glu Pro Asn Lys Lys Ser Arg Ile Trp Leu

65 70 75 80

Gly Thr Phe Pro Thr Val Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala

85	90	95	
Ala Leu Ala Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser			
100	105	110	
Ala Trp Arg Leu Arg Ile Pro Glu Thr Thr Cys Pro Lys Glu Ile Gln			
115	120	125	
Lys Ala Ala Ser Glu Ala Ala Met Ala Phe Gln Asn Glu Thr Thr Thr			
130	135	140	
Glu Gly Ser Lys Thr Ala Ala Glu Ala Glu Glu Ala Ala Gly Glu Gly			
145	150	155	160
Val Arg Glu Gly Glu Arg Arg Ala Glu Glu Gln Asn Gly Gly Val Phe			
165	170	175	
Tyr Met Asp Asp Glu Ala Leu Leu Gly Met Pro Asn Phe Phe Glu Asn			
180	185	190	
Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro Pro Pro Glu Val Gly Trp Asn His			
195	200	205	
Asn Asp Phe Asp Gly Val Gly Asp Val Ser Leu Trp Ser Phe Asp Glu			
210	215	220	

&lt;210&gt; 13

&lt;211&gt; 546

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 13

```

atggaaaacg acgatatcac cgtggcggag atgaagccaa agaagcgtgc tggacggagg 60
attttcaagg agacacgtca cccaatctac agaggcgtgc ggcgtaggga cggcgacaaa 120
tgggtatgcg aagtccgtga accgattcat cagcgtcgag tctggctcgg aacttatccg 180
acggcagata tggccgcacg tgctcacgac gtggcggttc ttgctctgcg cgggagatcc 240
gcgtgtttga atttctccga ttctgcttgg aggttgccgg tgccggcatc cactgatccg 300
gacacgatca ggcgcacggc ggccgaagca gcggagatgt tcaggccgcc ggagtttagt 360
acaggaatta cggttttacc ctcagccagt gagtttgaca cgtcggatga aggagtcgct 420
ggaatgatga tgaggctcgc ggaggagccg ttgatgtcgc cgccaagatc gtacattgat 480
atgaatacga gtgtgtacgt ggacgaagaa atgtgttacg aagatttgtc actttggagt 540
tactaa                                         546

```

&lt;210&gt; 14

&lt;211&gt; 181

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 14

Met Glu Asn Asp Asp Ile Thr Val Ala Glu Met Lys Pro Lys Lys Arg

1

5

10

15

Ala Gly Arg Arg Ile Phe Lys Glu Thr Arg His Pro Ile Tyr Arg Gly

20

25

30

Val Arg Arg Arg Asp Gly Asp Lys Trp Val Cys Glu Val Arg Glu Pro



35

40

45

Ile His Gln Arg Arg Val Trp Leu Gly Thr Tyr Pro Thr Ala Asp Met

50

55

60

Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Val Leu Ala Leu Arg Gly Arg Ser

65

70

75

80

Ala Cys Leu Asn Phe Ser Asp Ser Ala Trp Arg Leu Pro Val Pro Ala

85

90

95

Ser Thr Asp Pro Asp Thr Ile Arg Arg Thr Ala Ala Glu Ala Ala Glu

100

105

110

Met Phe Arg Pro Pro Glu Phe Ser Thr Gly Ile Thr Val Leu Pro Ser

115

120

125

Ala Ser Glu Phe Asp Thr Ser Asp Glu Gly Val Ala Gly Met Met Met

130

135

140

Arg Leu Ala Glu Glu Pro Leu Met Ser Pro Pro Arg Ser Tyr Ile Asp

145

150

155

160

Met Asn Thr Ser Val Tyr Val Asp Glu Glu Met Cys Tyr Glu Asp Leu

165

170

175

Ser Leu Trp Ser Tyr

180

<210> 15

<211> 630

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 15

```
atgaataatg atgatattat tctggcggag atgaggccta agaagcgtgc gggaaggaga 60
gtgtttaagg agacacgtca cccagtttac agaggcataa ggcggaggaa cggtgacaaa 120
tgggtctgcg aagtcagaga accgacgcac caacgccgca tttggctcgg gacttatccc 180
acagcagata tggcagcgcg tgcacacgac gtggcggttt tagctctgcg tgggagatcc 240
gcatgtttga atttcgccga ctccgcttgg cggttccgg tgccggaatc caatgatccg 300
gatgtgataa gaagagttgc ggcggaagct gcggagatgt ttaggccggt ggatttagaa 360
agtggaatta cggttttgcc ttgtgcggga gatgatgtgg atttgggttt tggttcgggt 420
tccggctctg gttcgggatc ggaggagagg aattcttctt cgtatggatt tggagactac 480
gaagaagtct caacgacgat gatgagactc gcggaggggc cactaatgtc gccgccgcga 540
tcgtatatgg aagacatgac tcctactaat gtttacacgg aagaagagat gtgttatgaa 600
gatatgtcat tgtggagtta cagatattaa 630
```

<210> 16

<211> 209

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 16

Met Asn Asn Asp Asp Ile Ile Leu Ala Glu Met Arg Pro Lys Lys Arg

1

5

10

15

Ala Gly Arg Arg Val Phe Lys Glu Thr Arg His Pro Val Tyr Arg Gly  
20 25 30

Ile Arg Arg Arg Asn Gly Asp Lys Trp Val Cys Glu Val Arg Glu Pro  
35 40 45

Thr His Gln Arg Arg Ile Trp Leu Gly Thr Tyr Pro Thr Ala Asp Met  
50 55 60

Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Val Leu Ala Leu Arg Gly Arg Ser  
65 70 75 80

Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg Leu Pro Val Pro Glu  
85 90 95

Ser Asn Asp Pro Asp Val Ile Arg Arg Val Ala Ala Glu Ala Ala Glu  
100 105 110

Met Phe Arg Pro Val Asp Leu Glu Ser Gly Ile Thr Val Leu Pro Cys  
115 120 125

Ala Gly Asp Asp Val Asp Leu Gly Phe Gly Ser Gly Ser Gly Ser Gly  
130 135 140

Ser Gly Ser Glu Glu Arg Asn Ser Ser Ser Tyr Gly Phe Gly Asp Tyr  
145 150 155 160

Glu Glu Val Ser Thr Thr Met Met Arg Leu Ala Glu Gly Pro Leu Met  
165 170 175

Ser Pro Pro Arg Ser Tyr Met Glu Asp Met Thr Pro Thr Asn Val Tyr

180

185

190

Thr Glu Glu Glu Met Cys Tyr Glu Asp Met Ser Leu Trp Ser Tyr Arg

195

200

205

Tyr

<210> 17

<211> 1026

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 17

atgccgtcgg agattgttga caggaaaagg aagtctcgtg gaacacgaga ttagctgag 60  
attctaaggc aatggagaga gtacaatgag cagattgagg cagaatcttg tatcgatggt 120  
ggtggtccaa aatcaatccg aaagcctcct ccaaaagggt cgaggaaggg ttgtatgaaa 180  
ggtaaagggt gacctgaaaa cgggatttgt gactatagag gagttagaca gaggagatgg 240  
ggtaaaggg ttgctgagat ccgtgagcca gacggagggt ctaggttgtg gctcgggtact 300  
ttctccagtt catatgaagc tgcattggct tatgacgagg cggccaaagc tatatatggt 360  
cagtctgcca gactcaatct tcccgagatc acaaatcgct cttcttcgac tgctgccact 420  
gccactgtgt caggctcggg tactgcattt tctgatgaat ctgaagtttg tgcacgtgag 480  
gatacaaatg caagttcagg ttttggtcag gtgaaactag aggattgtag cgatgaatat 540  
gttctcttag atagttctca gtgtattaaa gaggagctga aaggaaaaga ggaagtgagg 600  
gaagaacata acttggctgt tggttttgga attggacagg actcgaagag ggagactttg 660  
gatgcttggg tgatgggaaa tggcaatgaa caagaacat tggagtttgg tgtggatgaa 720

acgtttgata ttaatgagct attgggtata ttaaacgaca acaatgtgtc tggtaagag 780  
 acaatgcagt atcaagtgga tagacacca aatttcagtt accaaacgca gtttccaaat 840  
 tctaacttgc tcgggagcct caaccctatg gagattgctc aaccaggagt tgattatgga 900  
 tgtccttatg tgcagcccag tgatatggag aactatggta ttgatttaga ccatcgcagg 960  
 ttcaatgatac ttgacataca ggacttggat ttggaggag acaaagatgt tcatggatct 1020  
 acataa 1026

<210> 18

<211> 341

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 18

Met Pro Ser Glu Ile Val Asp Arg Lys Arg Lys Ser Arg Gly Thr Arg

1 5 10 15

Asp Val Ala Glu Ile Leu Arg Gln Trp Arg Glu Tyr Asn Glu Gln Ile

20 25 30

Glu Ala Glu Ser Cys Ile Asp Gly Gly Gly Pro Lys Ser Ile Arg Lys

35 40 45

Pro Pro Pro Lys Gly Ser Arg Lys Gly Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly

50 55 60

Pro Glu Asn Gly Ile Cys Asp Tyr Arg Gly Val Arg Gln Arg Arg Trp

65 70 75 80

Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Asp Gly Gly Ala Arg Leu  
85 90 95

Trp Leu Gly Thr Phe Ser Ser Ser Tyr Glu Ala Ala Leu Ala Tyr Asp  
100 105 110

Glu Ala Ala Lys Ala Ile Tyr Gly Gln Ser Ala Arg Leu Asn Leu Pro  
115 120 125

Glu Ile Thr Asn Arg Ser Ser Ser Thr Ala Ala Thr Ala Thr Val Ser  
130 135 140

Gly Ser Val Thr Ala Phe Ser Asp Glu Ser Glu Val Cys Ala Arg Glu  
145 150 155 160

Asp Thr Asn Ala Ser Ser Gly Phe Gly Gln Val Lys Leu Glu Asp Cys  
165 170 175

Ser Asp Glu Tyr Val Leu Leu Asp Ser Ser Gln Cys Ile Lys Glu Glu  
180 185 190

Leu Lys Gly Lys Glu Glu Val Arg Glu Glu His Asn Leu Ala Val Gly  
195 200 205

Phe Gly Ile Gly Gln Asp Ser Lys Arg Glu Thr Leu Asp Ala Trp Leu  
210 215 220

Met Gly Asn Gly Asn Glu Gln Glu Pro Leu Glu Phe Gly Val Asp Glu  
225 230 235 240

Thr Phe Asp Ile Asn Glu Leu Leu Gly Ile Leu Asn Asp Asn Asn Val  
245 250 255

Ser Gly Gln Glu Thr Met Gln Tyr Gln Val Asp Arg His Pro Asn Phe  
260 265 270

Ser Tyr Gln Thr Gln Phe Pro Asn Ser Asn Leu Leu Gly Ser Leu Asn  
275 280 285

Pro Met Glu Ile Ala Gln Pro Gly Val Asp Tyr Gly Cys Pro Tyr Val  
290 295 300

Gln Pro Ser Asp Met Glu Asn Tyr Gly Ile Asp Leu Asp His Arg Arg  
305 310 315 320

Phe Asn Asp Leu Asp Ile Gln Asp Leu Asp Phe Gly Gly Asp Lys Asp  
325 330 335

Val His Gly Ser Thr  
340

<210> 19

<211> 621

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 19

atgtcatcca tagagccaaa agtaatgatg gttgggtgcta ataagaaaca acgaaccgtc 60  
 caagctagtt cgaggaaagg ttgtatgaga ggaaaagggtg gacccgataa cgcgtcttgc 120  
 acttaciaag gtgttagaca acgcacttgg ggcaaatggg tcgctgagat ccgcgagcct 180  
 aaccgaggag ctctgtctttg gctcggtacc ttcgacacct cccgtgaagc tgccttggct 240  
 tatgactccg cagctcgtaa gctctatggg cctgaggctc atctcaacct ccctgagtcc 300  
 ttaagaagtt accctaaaac ggcgtcgtct ccggcgtccc agactacacc aagcagcaac 360  
 accggtggaa aaagcagcag cgactctgag tcgccgtgtt catccaacga gatgtcatca 420  
 tgtggaagag tgacagagga gatcatatgg gagcatataa acgtggattt gccggtaatg 480  
 gatgattctt caatatggga agaagctaca atgtcgtag gatttccatg ggttcatgaa 540  
 ggagataatg atatttctcg gtttgatact tgtatttccg gtggctattc taattgggat 600  
 tcctttcatt cccactttg a 621

<210> 20

<211> 206

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 20

Met Ser Ser Ile Glu Pro Lys Val Met Met Val Gly Ala Asn Lys Lys

1

5

10

15

Gln Arg Thr Val Gln Ala Ser Ser Arg Lys Gly Cys Met Arg Gly Lys

20

25

30

Gly Gly Pro Asp Asn Ala Ser Cys Thr Tyr Lys Gly Val Arg Gln Arg

35

40

45

Thr Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Asn Arg Gly Ala



出証特 2 0 0 4 - 3 0 2 1 2 3 4

<210> 21

<211> 975

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 21

atggaaaagg aagataacgg atcgaaacag agctcctctg cttctgttgt atcctcgaga 60  
agacgaagaa gagtggttga gccagtggaa ggcacgttac agagatggga ggaagaagga 120  
ttggcgagag ctctagagggt tcaagccaaa gggtcgaaga aaggttgtat gagaggaaaa 180  
ggtggaccag agaatcctgt ttgtcggttt agagggtgtc gacaaagggt ttgggggaaa 240  
tgggttgctg agatacgtga accagtgagt caccgtgggt caaactctag tcgtagtaaa 300  
cggctttggc ttggcacgtt tgctactgca gctgaagctg ctttggctta cgacagagct 360  
gctagtgtca tgtacggacc ctatgccagg ttaaatttcc cggaagattt ggggtggggga 420  
aggaagaagg acgaggaggc ggaaagttag ggaggctatt ggttggaac taacaaagcc 480  
ggtaatggcg tgattgaaac ggaagggtgga aaagactatg tagtctacaa tgaagacgct 540  
attgagcttg gccatgacaa gactcagaat cctgacatgt ttgatgtcga tgagcttcta 600  
cgtgacctaa atggcgacga tgtgttttgca ggcatgactg ataatgaaat agtgaaccca 660  
gcagttaaat caggaccggt acccggggaa cagtgttgcc aacggttcat acaggcccga 720  
gagttgaaat cagaggaagg ttacagctat gatcgattca aattggcaac aaagtggttt 780  
tgatccgcta caaagcctca actacggaat acctccgttt cagctcataa cggattgttg 840  
tataatgaac ctcaaagctc cagttatcac gagggaaagg atggtaatgg attcttcgac 900  
gacttgagtt acttgatct ggagaactaa cagggagggt gattcgattc atattttgag 960  
tatttcagat tctag 975

<210> 22

<211> 244

<212> PRT

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 22

Met Glu Lys Glu Asp Asn Gly Ser Lys Gln Ser Ser Ser Ala Ser Val

1 5 10 15

Val Ser Ser Arg Arg Arg Arg Arg Val Val Glu Pro Val Glu Ala Thr

20 25 30

Leu Gln Arg Trp Glu Glu Glu Gly Leu Ala Arg Ala Arg Arg Val Gln

35 40 45

Ala Lys Gly Ser Lys Lys Gly Cys Met Arg Gly Lys Gly Gly Pro Glu

50 55 60

Asn Pro Val Cys Arg Phe Arg Gly Val Arg Gln Arg Val Trp Gly Lys

65 70 75 80

Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Val Ser His Arg Gly Ala Asn Ser

85 90 95

Ser Arg Ser Lys Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Ala Thr Ala Ala Glu

100 105 110

Ala Ala Leu Ala Tyr Asp Arg Ala Ala Ser Val Met Tyr Gly Pro Tyr

115 120 125

Ala Arg Leu Asn Phe Pro Glu Asp Leu Gly Gly Gly Arg Lys Lys Asp

130 135 140

Glu Glu Ala Glu Ser Ser Gly Gly Tyr Trp Leu Glu Thr Asn Lys Ala  
145 150 155 160

Gly Asn Gly Val Ile Glu Thr Glu Gly Gly Lys Asp Tyr Val Val Tyr  
165 170 175

Asn Glu Asp Ala Ile Glu Leu Gly His Asp Lys Thr Gln Asn Pro Met  
180 185 190

Thr Asp Asn Glu Ile Val Asn Pro Ala Val Lys Ser Glu Glu Gly Tyr  
195 200 205

Ser Tyr Asp Arg Phe Lys Leu Asp Asn Gly Leu Leu Tyr Asn Glu Pro  
210 215 220

Gln Ser Ser Ser Tyr His Gln Gly Gly Gly Phe Asp Ser Tyr Phe Glu  
225 230 235 240

Tyr Phe Arg Phe

<210> 23

<211> 834

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 23

atggagaaat catcctcaat gaaacaatgg aagaagggtc ctgctcgggg taaaggcgtt 60  
 ccacaaaacg ctctttgtca gtaccgtgga gtcaggcaaa ggacttgggg caaatgggtg 120  
 gctgagatca gagagcccaa gaagagggca agactttggc ttggctcttt cgctacagct 180  
 gaagaagcag ctatggctta tgatgaggct gccttgaaac tctatgggca cgacgcatac 240  
 ctcaacttac ctcatcttca gcggaatata agaccttctc tgagtaactc tcagagggtc 300  
 aaatgggtac cttcaaggaa gtttatactt atgtttcctt catgtggtat gctaaacgtg 360  
 aatgctcagc ctagtggtca cataatccag caaagactag aagaactcaa gaaaactgga 420  
 cttttatctc aatcctattc ttctagtctt tcctccaccg aatcaaaaac taatactagc 480  
 tttcttgatg agaagaccag caagggagaa acagacaata tggtcgaagg tggtgatcag 540  
 aagaaaccag agatcgacct gaccgagttt cttcagcaac taggaatctt gaaggatgaa 600  
 aatgaagcag aaccaagtga ggtagcagag tgtcattccc ctccaccatg gaacgagcaa 660  
 gaagaaactg gaagtccttt cagaactgag aatttcagct gggataccct gatcgagatg 720  
 ccaagaagtg aaaccacaac tatgcaattt gactccagca acttcggaag ctatgatctt 780  
 gaggatgatg tatccttccc ttccatctgg gactactacg gaagcttaga ttga 834

<210> 24

<211> 277

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 24

Met Glu Lys Ser Ser Ser Met Lys Gln Trp Lys Lys Gly Pro Ala Arg

1

5

10

15

Gly Lys Gly Gly Pro Gln Asn Ala Leu Cys Gln Tyr Arg Gly Val Arg

20

25

30

Gln Arg Thr Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Lys Lys

35

40

45

Arg Ala Arg Leu Trp Leu Gly Ser Phe Ala Thr Ala Glu Glu Ala Ala

50

55

60

Met Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Leu Lys Leu Tyr Gly His Asp Ala Tyr

65

70

75

80

Leu Asn Leu Pro His Leu Gln Arg Asn Thr Arg Pro Ser Leu Ser Asn

85

90

95

Ser Gln Arg Phe Lys Trp Val Pro Ser Arg Lys Phe Ile Ser Met Phe

100

105

110

Pro Ser Cys Gly Met Leu Asn Val Asn Ala Gln Pro Ser Val His Ile

115

120

125

Ile Gln Gln Arg Leu Glu Glu Leu Lys Lys Thr Gly Leu Leu Ser Gln

130

135

140

Ser Tyr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Glu Ser Lys Thr Asn Thr Ser

145

150

155

160

Phe Leu Asp Glu Lys Thr Ser Lys Gly Glu Thr Asp Asn Met Phe Glu

165

170

175

Gly Gly Asp Gln Lys Lys Pro Glu Ile Asp Leu Thr Glu Phe Leu Gln

180

185

190

Gln Leu Gly Ile Leu Lys Asp Glu Asn Glu Ala Glu Pro Ser Glu Val  
195 200 205

Ala Glu Cys His Ser Pro Pro Pro Trp Asn Glu Gln Glu Glu Thr Gly  
210 215 220

Ser Pro Phe Arg Thr Glu Asn Phe Ser Trp Asp Thr Leu Ile Glu Met  
225 230 235 240

Pro Arg Ser Glu Thr Thr Thr Met Gln Phe Asp Ser Ser Asn Phe Gly  
245 250 255

Ser Tyr Asp Phe Glu Asp Asp Val Ser Phe Pro Ser Ile Trp Asp Tyr  
260 265 270

Tyr Gly Ser Leu Asp  
275

<210> 25

<211> 924

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 25

atggaagaag agcaacctcc ggccaagaaa cgaaacatgg ggagatctag aaaaggttgc 60  
atgaaaggta aaggcgttcc agagaacgcc acgtgtactt tccgtggagt taggcaacgg 120  
acttggggta aatgggtggc tgagatccgt gagcctaacc gtgggactcg tctctggctc 180  
ggcacgttta atacctcggt cgaggccgcc atggcttacg atgaagccgc taagaaactc 240

tatggacacg aggctaaact caacttggtg caccacaac aacaacaaca agtagtagtg 300  
 aacagaaact tgtctttttc tggccacggg tcgggttctt gggcttataa taagaagctc 360  
 gatatggttc atgggttggg ccttggtctc ggccaggcaa gttgttcacg aggttcttgc 420  
 tcagagagat cgagttttct acaagaagat gatgatcata gtcataatcg atgttcgtct 480  
 tcaagtgggt cgaatctttg ttgggttatta cctaaacaaa gtgattcaca agatcaagag 540  
 accgttaatg ctacgactag ttatggcggg gaaggcgggt gtggctctac gttaacgttt 600  
 tcgaccaatt tgaaacaaa gaatttgatg agtcagaatt atggattata caatggagct 660  
 tgggtctaggt ttcttgtggg gcaagaaaag aagacggaac atgacgtgtc atcgctgtgt 720  
 ggatcgtcgg acaacaagga gagtatgttg gttcctagtt gcggcggaga gaggatgcat 780  
 aggccggagt tggaagagcg aacaggatat ttggaaatgg atgatctttt ggagattgat 840  
 gatttaggtt tgttgattgg caaaaatgga gatttcaaga attggtgttg tgaagagttt 900  
 caacatccat ggaattgggt ctga 924

<210> 26

<211> 306

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 26

Glu Glu Glu Gln Pro Pro Ala Lys Lys Arg Asn Met Gly Arg Ser Arg

1

5

10

15

Lys Gly Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly Pro Glu Asn Ala Thr Cys Thr

20

25

30

Phe Arg Gly Val Arg Gln Arg Thr Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile

35

40

45



Arg Glu Pro Asn Arg Gly Thr Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Asn Thr  
50 55 60

Ser Val Glu Ala Ala Met Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Lys Lys Leu Tyr  
65 70 75 80

Gly His Glu Ala Lys Leu Asn Leu Val His Pro Gln Gln Gln Gln Gln  
85 90 95

Val Val Val Asn Arg Asn Leu Ser Phe Ser Gly His Gly Ser Gly Ser  
100 105 110

Trp Ala Tyr Asn Lys Lys Leu Asp Met Val His Gly Leu Asp Leu Gly  
115 120 125

Leu Gly Gln Ala Ser Cys Ser Arg Gly Ser Cys Ser Glu Arg Ser Ser  
130 135 140

Phe Leu Gln Glu Asp Asp Asp His Ser His Asn Arg Cys Ser Ser Ser  
145 150 155 160

Ser Gly Ser Asn Leu Cys Trp Leu Leu Pro Lys Gln Ser Asp Ser Gln  
165 170 175

Asp Gln Glu Thr Val Asn Ala Thr Thr Ser Tyr Gly Gly Glu Gly Gly  
180 185 190

Gly Gly Ser Thr Leu Thr Phe Ser Thr Asn Leu Lys Pro Lys Asn Leu  
195 200 205

Met Ser Gln Asn Tyr Gly Leu Tyr Asn Gly Ala Trp Ser Arg Phe Leu  
210 215 220

Val Gly Gln Glu Lys Lys Thr Glu His Asp Val Ser Ser Ser Cys Gly  
225 230 235 240

Ser Ser Asp Asn Lys Glu Ser Met Leu Val Pro Ser Cys Gly Gly Glu  
245 250 255

Arg Met His Arg Pro Glu Leu Glu Glu Arg Thr Gly Tyr Leu Glu Met  
260 265 270

Asp Asp Leu Leu Glu Ile Asp Asp Leu Gly Leu Leu Ile Gly Lys Asn  
275 280 285

Gly Asp Phe Lys Asn Trp Cys Cys Glu Glu Phe Gln His Pro Trp Asn  
290 295 300

Trp Phe  
305

<210> 27

<211> 534

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 27

atgccagga aacggaagtc tcgtggaaca cgagatgtag ctgagattct aaggaaatgg 60  
 agagagtaca atgagcagac cgaggcagat tcttgcacgc atggtggtgg ttcaaaacca 120  
 atccgaaagg ctctccaaa acgttcgagg aagggttgta tgaaaggtaa aggtggacct 180  
 gaaaatggga tttgtgacta tacaggagtt agacagagga catggggtaa atgggttgct 240  
 gagatccgtg agccaggccg aggtgctaag ttatggctcg gtactttctc tagttcatat 300  
 gaagctgcat tggcttatga tgaggcttcc aaagctatit acggtcagtc tgcccgactc 360  
 aatcttcac tgctgccact gtgtcagget cggttactgc attttctgat gaatctgaag 420  
 tttgtgcacg tgaggataca aatgcaagat ctggttttgg tcagatctct aacttctcgc 480  
 atttccaaaa tgtaagtcc aataactgca ttggttaagt tggggcgta ctag 534

<210> 28

<211> 177

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 28

Met Pro Arg Lys Arg Lys Ser Arg Gly Thr Arg Asp Val Ala Glu Ile

1 5 10 15

Leu Arg Lys Trp Arg Glu Tyr Asn Glu Gln Thr Glu Ala Asp Ser Cys

20 25 30

Ile Asp Gly Gly Gly Ser Lys Pro Ile Arg Lys Ala Pro Pro Lys Arg

35 40 45

Ser Arg Lys Gly Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly Pro Glu Asn Gly Ile

50 55 60

Cys Asp Tyr Thr Gly Val Arg Gln Arg Thr Trp Gly Lys Trp Val Ala  
65 70 75 80

Glu Ile Arg Glu Pro Gly Arg Gly Ala Lys Leu Trp Leu Gly Thr Phe  
85 90 95

Ser Ser Ser Tyr Glu Ala Ala Leu Ala Tyr Asp Glu Ala Ser Lys Ala  
100 105 110

Ile Tyr Gly Gln Ser Ala Arg Leu Asn Leu Pro Leu Leu Pro Leu Cys  
115 120 125

Gln Ala Arg Leu Leu His Phe Leu Met Asn Leu Lys Phe Val His Val  
130 135 140

Arg Ile Gln Met Gln Asp Leu Val Leu Val Arg Ser Leu Thr Ser Arg  
145 150 155 160

Ile Ser Lys Met Leu Ser Pro Ile Thr Ala Leu Val Lys Leu Gly Arg  
165 170 175

Tyr

<210> 29

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Primer

<400> 29

gagtcttcgg tttcctca

18

<210> 30

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Primer

<400> 30

cgatacgtcg tcatcatc

18

**【配列表フリーテキスト】**

配列番号 2 9 : プライマー

配列番号 3 0 : プライマー

**【図面の簡単な説明】**

**【図 1】** ベクター rd29A-DREB1A の RB から LB 間の構造を示す図である。

**【図 2 - 1】** DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である。

**【図 2 - 2】** DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である（図 2 - 1 の続き）。

**【図 2 - 3】** DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である（図 2

- 2 の続き)。

【図 2 - 4】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 3 の続き)。

【図 2 - 5】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 4 の続き)。

【図 2 - 6】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 5 の続き)。

【図 2 - 7】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 6 の続き)。

【図 2 - 8】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 7 の続き)。

【図 2 - 9】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 8 の続き)。

【図 2 - 1 0】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 9 の続き)。

【図 2 - 1 1】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 1 0 の続き)。

【図 2 - 1 2】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 1 1 の続き)。

【図 2 - 1 3】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩

基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 2-12 の続き）。

【図 2-14】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 2-13 の続き）。

【図 2-15】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 2-14 の続き）。

【図 2-16】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 2-15 の続き）。

【図 3-1】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である。

【図 3-2】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-1 の続き）。

【図 3-3】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-2 の続き）。

【図 3-4】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-3 の続き）。

【図 3-5】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-4 の続き）。

【図 3-6】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-5 の続き）。

【図 3-7】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミ

ノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-6 の続き）。

【図 3-8】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-7 の続き）。

【図 3-9】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-8 の続き）。

【図 4-1】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である。

【図 4-2】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-1 の続き）。

【図 4-3】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-2 の続き）。

【図 4-4】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-3 の続き）。

【図 4-5】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-4 の続き）。

【図 4-6】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-5 の続き）。

【図 4-7】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-6 の続き）。

【図 4-8】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 での塩基



配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-7 の続き）。

【図 4-9】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-8 の続き）。

【図 4-10】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-9 の続き）。

【図 4-11】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-10 の続き）。

【図 4-12】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-11 の続き）。

【図 4-13】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-12 の続き）。

【図 4-14】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-13 の続き）。

【図 4-15】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-14 の続き）。

【図 4-16】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-15 の続き）。

【図 4-17】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-16 の続き）。

【図 4-18】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-17の続き）。

【図 4-19】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-18の続き）。

【図 4-20】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-19の続き）。

【図 4-21】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-20の続き）。

【図 4-22】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-21の続き）。

【図 4-23】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-22の続き）。

【図 4-24】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-23の続き）。

【図 4-25】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-24の続き）。

【図 4-26】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-25の続き）。

【図 4-27】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図

4-26の続き)。

【図4-28】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-27の続き)。

【図4-29】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-28の続き)。

【図4-30】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-29の続き)。

【図4-31】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-30の続き)。

【図4-32】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-31の続き)。

【図4-33】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-32の続き)。

【図4-34】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-33の続き)。

【図4-35】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-34の続き)。

【図4-36】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-35の続き)。

【図4-37】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩

基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-36 の続き）。

【図 4-38】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-37 の続き）。

【図 4-39】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-38 の続き）。

【図 4-40】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-39 の続き）。

【図 5-1】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である。

【図 5-2】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-1 の続き）。

【図 5-3】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-2 の続き）。

【図 5-4】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-3 の続き）。

【図 5-5】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-4 の続き）。

【図 5-6】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-5 の続き）。

【図 5-7】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミ

ノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-6 の続き）。

【図 5-8】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-7 の続き）。

【図 5-9】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-8 の続き）。

【図 5-10】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-9 の続き）。

【図 5-11】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-10 の続き）。

【図 5-12】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-11 の続き）。

【図 5-13】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-12 の続き）。

【図 5-14】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-13 の続き）。

【図 5-15】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-14 の続き）。

【図 5-16】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-15 の続き）。

【図 5-17】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-16 の続き）。

【図 5-18】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-17 の続き）。

【図 5-19】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-18 の続き）。

【図 5-20】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-19 の続き）。

【図 6】 DREB1Aを基軸としたDREB1BからDREB1Fとの塩基配列レベルでのアラインメントを示す図である。

【図 7-1】 DREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとの塩基配列レベルでのアラインメントを示す図である（DREB2Aの第518位まで）。

【図 7-2】 DREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとの塩基配列レベルでのアラインメントを示す図である（DREB2Aの第519位から）。

【図 8】 DREB1Aを基軸とした場合のDREB1BからDREB1Fとのアミノ酸配列レベルでのアラインメントを示す図である。

【図 9】 DREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとのアミノ酸配列レベルでのアラインメントを示す図である。

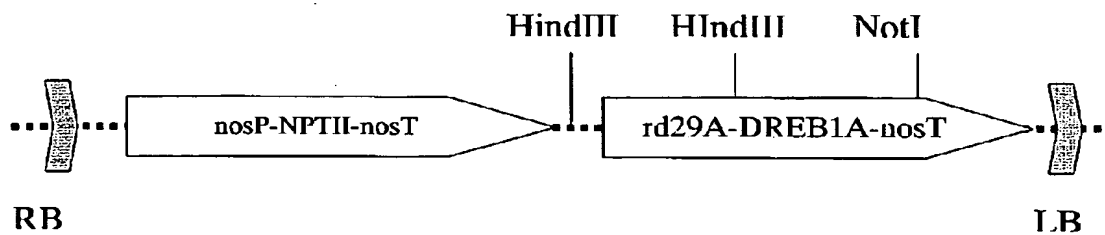
【図 10】 挿し穂生産時の発根性試験の非形質転換体と系統9と系統10の発根性を示す写真である。

【図 11】 定植後の非形質転換体と系統9と系統10の茎長を示すグラフである。

【図 12】 花持ち試験開始後22日の非形質転換体と系統9と系統10の切口の近傍を示す写真である。

【書類名】 図面

【図 1】



## 【図 2-1】

0009114

+++++

Sequence 1 : DREB1A.nuc  
Size : 651  
Matching Position : 1 - 651

Sequence 2 : DREB1B.nuc  
Size : 642  
Matching Position : 1 - 642

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*M+ : 2

Matching : 85.04 [%]  
Weight : -451

```
1 : ATGAACTCAT TTTCTGCTTT TTCTGAAATG TTTGGCTCCG ATTACGAGTC TTCGGTTTCC
***** **
1 : ATGAACTCAT TTTCTGCTTT TTCTGAAATG TTTGGCTCCG ATTACGAG-- -----CC

61 : TC-AGGCGGT GATTATATTC CGACGCTTGC GAGCAGCTGC CCCAAGAAAC CGGCGGGTCG
** ***** **
51 : TCAAGGCGGA GATTATGTC CGACGCTTGC CAGCAGTGT CCAAGAAAC CGGCGGGCCG

120 : TAAGAAGTTT CGTGAGACTC GTCACCCAAT ATACAGAGGA GTTCGTCCGA GAAACTCCGG
*****
111 : TAAGAAGTTT CGTGAGACTC GTCACCCAAT TTACAGAGGA GTTCGTCAA GAAACTCCGG

180 : TAAGTGGTT TGTGAGGTTA GAGAACCAA CAAGAAACA AGGATTGGC TCGCAACATT
***** *
171 : TAAGTGGTT TCTGAAGTA GAGAGCCAA CAAGAAACC AGGATTGGC TCGGACGTT

240 : TCAAACCGCT GAGATGGCAG CTCGAGCTCA CGACGTCGC GCTTTAGCCC TTCGTGGCCG
*****
231 : CCAAACCGCT GAGATGGCAG CTCGAGCTCA CGACGTCGC GCATTAGCCC TCGGTGGCCG

300 : ATCAGCCTGT CTCAATTTCC CTGACTCGGC TTGGAGACTC CGAATCCCG AATCAACTTG
*****
291 : ATCAGCATGT CTCAACTTCC CTGACTCGGC TTGGCGGCTA CGAATCCCG AGTCAACATG

360 : CGCTAAGGAC ATCCAAAAG CGGCGGCTGA AGCTGCGTTG GCGTTTCAGG ATGAGATGTG
** *****
351 : CGCCAAGGAT ATCCAAAAG CGGCTGCTGA AGCGGCGTTG GCTTTTCAAG ATGAGACGTG

420 : TGATGCGACG ---ACGGATC ATGGCTTCCA CATGGAGGAG ACGTTGGTGG AGGCTATTTA
*** *****
411 : TGATACGACG ACCACGAATC ATGGCTTCCA CATGGAGGAG ACGATGGTGG AAGCTATTTA

477 : CACGGCGGAA CAGAGCGAAA ATGCGTTTTA TATGCACGAT GAGCGGATGT TTGAGATGCC
** *****
471 : TACACCGGAA CAGAGCGAAG GTGCGTTTTA TATGGATGAG GAGACAATGT TTGGGATGCC

537 : GAGTTTGTG GCTAATATGG CAGAAGGAT GCTTTTGCCG CTTCCGTCG TACAGTGGAA
** *****
531 : GACTTTGTG GATAATATGG CTGAAGGCAT GCTTTTACCG CCGCGTCTG TTCAATGGAA

597 : TCATAATCAT GAAGTCGACG GCGATGATCA CGACGTATCG TTATGGAGTT ATTAA
***** **
```



## 【図 2 - 2】

0009114

591 : TCATAATTAT GACGGCGAAG GAGATGGT-- -GACGTGTCG CTTTGGAGTT ACTAA

+++++

Sequence 1 : DREB1A.nuc  
Size : 651  
Matching Position : 1 - 651

Sequence 2 : DREB1C.nuc  
Size : 651  
Matching Position : 1 - 651

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*N+ : 2  
  
Matching : 86.70 [%]  
Weight : -476

```

1 : ATGAACTCAT TTTCTGCTTT TTCTGAAATG TTTGGCTCCG ATTACGAGTC TTCGGTTTCC
*****
1 : ATGAACTCAT TTTCTGCCCT TTCTGAAATG TTTGGCTCCG ATTACGAGTC TTCGGTTTCC

61 : TCAGGCGGTG ATTATATTCC GACGCTTGGC AGCAGCTGCC CCAAGAAACC GCGGGTCGT
*****
61 : TCAGGCGGTG ATTACAGTCC GAAGCTTGCC ACGAGCTGCC CCAAGAAACC AGCGGAAGG

121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATA TACAGAGGAG TTCGTGCGAG AAACCTCGGT
*****
121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATT TACAGAGGAG TTCGTCAAAG AAACCTCGGT

181 : AAGTGGGTTT GTGAGGTTAG AGAACCAAAC AAGAAAACAA GGATTGGCT CGGAACATT
*****
181 : AAGTGGGTTT GTGAGTTGAG AGAGCCAAAC AAGAAAACGA GGATTGGCT CGGACTTTC

241 : CAAACCGCTG AGATGGCAGC TCGAGCTCAC GACGTGCGC CTTTAGCCCT TCGTGGCCGA
*****
241 : CAAACCGCTG AGATGGCAGC TCGTGCTCAC GACGTGCGC CCATAGCTCT CCGTGGCAGA

301 : TCAGCCTGTC TCAATTTCCG TGACTCGGCT TGGAGACTCC GAATCCCGGA ATCAACTTGC
**
301 : TCTGCCITGC TCAATTTCCG TGACTCGGCT TGGCGGCTAC GAATCCCGGA ATCAACCTGT

361 : GCTAAGGACA TCCAAAAGGC GCGGCTGAA GCTGCGTTGG CGTTTCAGGA TGAGATGTGT
**
361 : GCCAAGGAAA TCCAAAAGGC GCGGCTGAA GCGGCTTGA ATTTTCAAGA TGAGATGTGT

421 : GATGCGACGA CGGA---TCA TGGCTTCGAC ATGGAGGAGA CGTTGGTGA GGCTATTTAC
**
421 : CATATGACGA CGGATGCTCA TGGTCTTGAC ATGGAGGAGA CCTTGGTGA GGCTATTTAT

478 : ACGGCGGAAC AGAGCGAAAA TCGGTTTTAT ATGCACGATG ACGCGATGTT TGAGATGCCG
***
481 : ACGGCGGAAC AGAGCGAAGA TCGGTTTTAT ATGGATGAAG ACGCGATGTT GGGATGTCT

538 : AGTTTGTGG CTAATATGCG AGAAGGGATG CTTTGGCCGC TTCCGTCCGT ACAGTGAAT
*****
541 : AGTTTGTGG ATAACATGCG CGAAGGGATG CTTTACCGT CCCGTCGGT TCAATGAAC

```

## 【図 2-3】

-0009114

```

598 : CATAATCATG AAGTCGACGG CGATGATGAC GACGTATCGT TATGGAGTTA TTAA
      ***** ** * ***** ** ***** ***** ** *****
601 : TATAATTTTG ATGTCGAGGG AGATGAT--- GACGTGTCCT TATGGAGCTA TTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1A.nuc
Size            : 651
Matching Position : 1 - 651

```

```

Sequence 2      : DREB1D.nuc
Size            : 675
Matching Position : 1 - 675

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
#N+          : 2

```

```

Matching      : 68.72 [%]
Weight       : -233

```

```

1 : ATGAACATCAT TT---TCTGC TTTTCTGAA ATGTTT---- --GGCTCCGA TTACGAGTCT
   ***** ** * ***** ** ***** ***** ** *
1 : ATGAATCCAT TTTACTCTAC ATTCCGAGAC TCGTTTCTCT CAATCTCCGA TCATAGATCT

52 : TCGGTTTCTC CAGGCGGTGA TTATATTCCG ACGCTTGCGA GCAGCTGCCC CAAGAAACCG
   ***** * ***** * * * * * * * * * * * * * *
61 : CCGGTTTCAG ACAGTAGTGA GTGTTACCA AAGTTAGCTT CAAGTTGTCC AAAGAAACGA

112 : GCGGGTCGTA AGAAGTTTCG TGAGACTCGT CAGCCAATAT ACAGAGGAGT TCGTCGGAGA
   ** ** * * ***** ***** ** ** * * ***** *****
121 : GCTGGGAGGA AGAAGTTTCG TGAGACACGT CATCCGATTT ACAGAGGAGT TCGTCAGAGG

172 : AACTCCGGTA AGTGGGTTTG TGAGGTTAGA GAACCAACA AGAAACAAG GATTTCGCTC
   ** ** ***** * ***** ** ***** ** ** * * ***** *
181 : AATTCTGGTA AATGGGTTTG TGAAGTTAGA GAGCCTAATA AGAAATCTAG GATTTCGTTA

232 : GGAACATTTG AAACGGCTGA GATGGCAGCT CGAGCTCAGG ACGTTGCCGC TTTAGCCCTT
   ** ** ***** ** * * * * * * * * * * * * * *
241 : GGTACTTTTC CGACGGTTGA AATGGCTGCT CGTGCTCATG ATGTTGCTGC TTTAGCTCTT

292 : CGTGGCCGAT CAGCCTGTCT CAATTTCGCT GACTCGGCTT GGAGACTCCG AATCCCGGAA
   ***** ** * * ***** ***** ** ** ***** ** * * * *
301 : CGTGGTCGCT CTGCTTGTCT CAATTTCGCT GATTCTGCTT GCGGCTTCG TATTCCTGAG

352 : TCAACTTGCG CTAAGGACAT CCAAAAGCGG GCGGCTGAAG CTGCGTTGCC GTTTCAGGAT
   * ***** ***** ** ** ** * * * * ***** ** *
361 : ACTACTTGTC CTAAGGAGAT TCAGAAAGCT GCGTCTGAAG CTGCAATGCC GTTTCAGAAT

412 : GAGA----- -TGTGTGAT- ---GCGACG ACGGA-TCA- TCGCTTCGAC A-TGGAGGAG
   ***** 1 * * * * * * * * * * * * * *
421 : GAGACTACGA CGGAGGGATC TAAAACTGCC GCGGAGGCAG AGGAGGCGGC AGGGAGGGG

457 : ACGTTGGTGG AGGCTATTTA CACGGCGGAA CAGAGCGAAA ATGCGTTTTA TATGCACGAT
   * ** ** ** * * * * * * * * * * * * * *
481 : GTGAGGGAGG GGGAGAGGAG GCGGAGGAG CAGAAATGTT GTGTGTTTTA TATGGATGAT

517 : GAGGCGATGT TTGAGATGCC GAGTTTGTG GCTAATATGG CAGAAGGGAT GCTTTTCCCG
   ***** * * * ***** * ** * * ***** * * *****
541 : GAGGCGCTTT TGGGGATGCC CAACTTTTTT GAGAATATGG CCGAGGGGAT GCTTTTCCCG

```

【図 2-4】

0009114

```

577 : CTTCCGTCGG TACAGTGGAA TCATAATCAT GAAGTCGACG GCGATGATGA CGACGTATCG
      * *** * * ***** ***** * ** * *** * * ** * ***** **
601 : CCGCCGGAAG TTGGCTGGAA TCATA---AC GACTTTGACG GAG-TG--GC TGACGTGTCA

```

```

637 : TTATGGAGTT -----ATTA A
      * ***** * ** *
655 : CTCTGGAGTT TTGACGAGTA A

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1A.nuc
Size            : 651
Matching Position : 1 - 651

```

```

Sequence 2      : DREB1E.nuc
Size            : 546
Matching Position : 1 - 546

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*NT         : 2

Matching      : 54.70 [%]
Weight       : 0

```

```

1 : ATGAATCAT TTTCTGCTTT TTCTGAAATG TTGGCTCCG ATTACGAGTC TTCGGTTTC-
   ***          ****          ****          ** * **
1 : ATG----- -----GAAA----- ---ACGA---CGATATCA

60 : CTCAGGCGGT GATTATATTC CGACGCTTGC GAGCAGCTGC CCCAAGAAAC CGGCGGGTCG
   * ***** ** * * * * * * * * * * * * * * * *
20 : CCGTGCGGA GAT----- ---GAAG--- CCAAAGAAGC GTGCTGGACG

120 : TAAGAAGTTT CGTGAGACTC GTCACCCAAT ATACAGAGGA GTTCGTCCGA GAAACTCCGG
     * ** ** ***** * ***** ***** ** * * * * * *
57 : GAGGATTTTC AAGGAGACAC GTCACCCAAT CTACAGAGGC GTGCGGCGTA GGGACGGCGA

180 : TAAGTGGGTT TGTGAGGTTA GAGAACCAA CAAGAAAACA AGGATTGGC TCGGAACATT
     ** ***** ** ** * * ***** * * * * * * ***** *
117 : CAAATGGGTA TGCGAAGTCC GTGAACCGAT TCATCAGCGT CGAGTCTGGC TCGGAACCTA

240 : TCAAACCGCT GAGATGGCAG CTCGAGCTCA CGACGTTGCC GCTTTAGCCC TTCGTGGCCG
     ** ** ** ** ** ***** * * * ***** ***** ** * * * * * *
177 : TCCGACGGCA GATATGGCCG CACGTGCTCA CGACGTGGCG GTTCTTGCTC TCGCGGGGAG

300 : ATCAGCCTGT CTCAATTTCC CTGACTCGGC TTGGAGACTC CGAATCCGG AATCAACTTG
     *** ** ** * ***** * * * * ***** * * * * * *
237 : ATCCGCGTGT TTGAATTTCT CCGATTCTGC TTGAGGTTG CCGGTGCCCG CATCCACT--

360 : CGCTAAGGAC ATCCAAAGG ---CGGCGG CTGAAGCTGC GTTGGCGTTT CAGGATG-AG
     * * **** * * * * * ***** * ***** ** * * * * ***** *
295 : -GATCCGGAC A-CGATCAGG CGCACGGCGG CCGAAGCAGC GGAGATG-TT CAGGCCGCCG

415 : ATGTGTGATG CGACGACGGA TCATGGCTTC GACATGGAGG AGACGTTGGT GGAGGCTATT
     ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
352 : GAGT-TTAGT -AC-AGGAA TTACGGTTTT ACCCT---C AGCC---AGT -GAG---TTT

475 : TACACGGCGG AACAGAGCGA AAATGCGTTT TATATGCAGG ATGAGGCGAT GTTTGAGATG

```

【図 2-5】

-0009114

```

397 : GACACGTCGG A-TGA---A GGAGTCGCTG GA-ATG-ATG ATGAGGC--T CGCGGAGGAG
      ***** ** * * ** * * *** * ***** * *** *
535 : CCGAGTTTGT TG--GCTAAT ATGCCAGA-A GGGATGCTTT TGCCGCTTCC GTCCGTACAG
      *** ** * ** ** ** * * * * * * * * * * ** ** **** *
448 : CCGTTGATGT CGCCGCCAAG ATCGTACATT GATATG-AAT --ACG---A GTGTGTAC-G
      **** * * * *** * * * * * * * * * * **** * ***
592 : TGGAAATCATA ATCATGAAGT CGACGGCGAT GATGACGACG TATCGTTATG GAGTTATTAA
      **** * * * *** * * * * * * * * * * **** * ***
500 : TGGACGAAGA A-ATG-----TGT TACGAAGATT TGTCACTTIG GAGTTACTAA
      **** * * * *** * * * * * * * * * * **** * ***

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1A.nuc
Size            : 651
Matching Position : 1 - 651

```

```

Sequence 2      : DREB1F.nuc
Size            : 630
Matching Position : 1 - 630

```

Matching Condition.

```

Matches       : -1
Mismatches    : 1
Gaps          : 1
*NT+         : 2

Matching      : 54.81 [%]
Weight        : -21

```

```

1 : ATGAACATCAT TTTCTGCTTT TTCTGAAATG TTTGGCTCCG ATTACGAGTC TTCGGTTTCC
    *****      **** * * **      **
1 : ATGAA-----TAATG AT-----G AT-----ATTAT

61 : TCAGGCGGTG ATTATATTCC GACGCTTGCG AGCAGCTGCC CCAAGAAACC GCGGGGTGCT
    ** ***** ** * * * * * * * * * * *
21 : TCTGGCGGAG AT-----G A-----CGC CTAAGAAGCG TCGCGGAAGG

121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATA TACAGAGGAG TTCGTGCGAG AAACCTCCGT
    **** ***** * ***** * * * * * *
58 : AGAGTGTTTA AGGAGACACG TCACCCAGTT TACAGAGGCA TAAGGCGGAG GAACGGTGAC

181 : AAGTGGGTTT GTGAGGTTAG AGAACCAAAC AAGAAAACAA GGATTTGGCT CGGAACATTT
    ** ***** * * * * * * * * * * * * *
118 : AAATGGGTCT GCGAAGTCAG AGAACCGACG CACCAACGCC GCATTTGGCT CGGGACTTAT

241 : CAAACCGCTG AGATGGCAGC TCGAGCTCAC GACGTTGCCG CTTTAGCCCT TCGTGCCCGA
    * * * * * * * * * * * * * * * * *
178 : CCCACAGCAG ATATGGCAGC GCGTGACACG GACGTGGCGG TTTTAGCTCT GCGTGGGAGA

301 : TCAGCCTGTC TCAATTTGCG TGACTCGGCT TGGAGACTCC GAATCCCGGA ATCAACTTGC
    ** ** * * * * * * * * * * * * * *
238 : TCCGCATGTT TGAATTTGCG CGACTCCGCT TGGCGGCTTC CGGTGCCGGA ATCCAATGAT

361 : CCTAAGGACA TCCAAAAGGC GCGGCTGAA GCTGCGTTGG CGTTTCAGGA TG--AGATGT
    * * * * * * * * * * * * * * * *
298 : CCGATGTGA TAAGAAGAGT TCGGCGGAA GCTGCGGAGA TGTTT-AGGC CGGTGGATTT

419 : -GTGA-TGCC ACGACGGATC ATGGCTT---CGACATGG AGSAGACGTT GGTGGAGGCT
    * * * * * * * * * * * * * * * *
357 : AGAAAGTGA ATTACCG-TT TTGCCCTTGTG CCGGAGATGA TGTGGATTG GGTTTTGGTT

```

【図 2-6】

0009114

```

472 : ATTTACACGG C----- GGAACAGA-G CGA-AAATGC GT-TTTATAT GCACGATGAG
      *** *      *** * * * * * * * * * * * * * * * *
416 : CGGGTTCCGG CTCTGGTTCG GGATCGGAGG AGAGGAATTC TTCTTCGTAT GGATTGGAG

520 : GCGATGTTTG AGATGCCGAG TTTGTTGGCT AATATGCCAG AAGGGATGCT TTTGCCGCTT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
476 : ACTACG-AAG AAGTCTCAAC GACGATGATG AGACTCGCGG AGGGGCCACT AATGTCGCCG

580 : C--CGTCCGT ACAGTGGAA- -----TCA TAATCATG-- -AAGTCGACG --CGCATG--
      * ** *** * * * * * * * * * * * * * * * *
535 : CCGCGATCGT ATA-TGGAAG ACATGACTCC TACTAATGTT TACACGGAAG AAGAGATGTG

623 : --ATGACGAC GTATCGTTAT GGAGT----- -TATTAA
      **** ** * ** * * * * * * * * * *
594 : TTATGAAGAT ATGTCATTGT GGAGTTACAG ATATTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1B.nuc
Size            : 642
Matching Position : 1 - 642

```

```

Sequence 2      : DREB1C.nuc
Size            : 651
Matching Position : 1 - 651

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
* N +        : 2

Matching     : 86.33 [%]
Weight       : -471

```

```

1 : ATGAACTCAT TTTGAGCTTT TTCTGAAATG TTYGGCTCCG ATTACGAGCC TC-----
    ***** * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : ATGAACTCAT TTTCTGCCCT TTCTGAAATG TTYGGCTCCG ATTACGAGTC TCCGTTTCC

53 : -AAGCGCGAG ATTATTGTCC GACGTTGGCC ACGAGTTGTC CGAAGAAACC GCGGGGCGT
    ***** * * * * * * * * * * * * * * * *
61 : TCAGGCGGTG ATTACAGTCC GAAGCTTGCC ACGAGCTGCC CCAAGAAACC AGCGGAAGG

112 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATT TACAGAGGAG TTCGTCAAAG AAATCCGGT
    ***** * * * * * * * * * * * * * * * *
121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATT TACAGAGGAG TTCGTCAAAG AAATCCGGT

172 : AAGTGGGTTT CTGAAGTGAG AGAGCCAAAC AAGAAAACCA GGATTGGCT CCGGACTTTC
    ***** * * * * * * * * * * * * * * * *
181 : AAGTGGGTGT GTGAGTTGAG AGAGCCAAAC AAGAAAACCA GGATTGGCT CCGGACTTTC

232 : CAAACCGCTG AGATGGCAGC TCGTGCTCAC GACGTCGCTG CATTAGCCCT CCGTGGCCGA
    ***** * * * * * * * * * * * * * * * *
241 : CAAACCGCTG AGATGGCAGC TCGTGCTCAC GACGTCGCTG CCATAGCTCT CCGTGGCAGA

292 : TCAGCATGTC TCAACTTCGC TGAATCGGCT TGGCGGCTAC GAATCCCGGA GTCAACATGC
    ** ** * * * * * * * * * * * * * * * *
301 : TCTGCCGTGC TCAATTTGCG TGAATCGGCT TGGCGGCTAC GAATCCCGGA ATCAACCTGT

352 : GCCAAGGATA TCCAAAAGC GGCTGCTGAA GCGGCGTTGG CTTTTCAAGA TGACACGTGT
    ***** * * * * * * * * * * * * * * * *

```

【図 2-7】

0009114

```

361 : GCCAAGGAAA TCCAAAAGGC GCGCGCTGAA GCGCGCTTGA ATTTTCAAGA TGAGATGTGT
412 : GATACCGACA CCACGAATCA TGGCCTGGAC ATGGAGGAGA CGATGGTGA ACCTATTTAT
    *** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *
421 : CATATGACGA CGGATGCTCA TGGTCTTGAC ATGGAGGAGA CTTGGTGA GGCTATTTAT

472 : ACACCGGAAC AGAGCGAAGG TCGTTTTAT ATGGATGAGG AGACAATGT TGGGATGCCG
    ** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *
481 : ACGCCGAAC AGAGCCAAGA TCGTTTTAT ATGGATGAAG AGCGATGT GGGGATGTCT

532 : ACITTTGTTG ATAATATGCG TGAAGGCATG CTTTTACCGC GCGCGTCTGT TCAATGGAAT
    * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *
541 : AGTTTGTTG ATAACATGCG CGAAGGGATG CTTTTACCGT GCGCGTCGGT TCAATGGAAC

592 : CATAATTATG ACGCGGAAGG AGATGCTGAC GTGTCGCTT GGAGTTACTA A
    ***** * * * ** * ** * ** * ** * ** *
601 : TATAATTTTG ATGTCGAGGG AGATGATGAC GTGTCCTTAT GGAGCTATTA A
  
```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1B.nuc
Size            : 642
Matching Position : 1 - 642
  
```

```

Sequence 2      : DREB1D.nuc
Size            : 675
Matching Position : 1 - 675
  
```

Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatch          : 1
Gaps              : 1
*NT              : 2

Matching          : 68.88 [%]
Weight            : -234
  
```

```

1 : ATGAACATCAT TT---TCAGC TTTTCTGAA ATGTTT--- --GGCTCCGA TTA-CGAGC-
    ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** *
1 : ATGAATCCAT TTACTCTAC ATTCCAGAC TCGTTTCTCT CAATCTCCGA TCATAGATCT

50 : -----CTC AAGGCGGAGA TTATTGTCCG ACGTTGGCCA CGAGTTGTCC GAAGAAACCG
    * * * * ** * ** * ** * ** * ** *
61 : CCGGTTTCAG ACAGTAGTGA GTGTTACCA AAGTTAGCTT CAAGTTGTCC AAAGAAACGA

103 : GCGGGCCGTA AGAAGTTTCG TGAGACTCGT CACCCAATTT ACAGAGGAGT TCGTCAAAGA
    ** ** * * ***** ** * ** * ** * *****
121 : GCTGGGAGGA AGAAGTTTCG TGAGACACGT CATCCGATTT ACAGAGGAGT TCGTCAGAGG

163 : AACTCCGTA AGTGGGTTTC TGAAGTGAGA GAGCCAAACA AGAAAACAG GATTTGGCTC
    ** ** * ** * ***** ** * ** * ** * *****
181 : AATTCTGTA AATGGGTTTG TGAAGTTAGA GAGCCTAATA AGAAATCTAG GATTTGGTTA

223 : GGGACTTTTC AAACCGCTGA GATGGCAGCT CGTGCTCAGC ACGTCGCTGC ATTAGCCCTC
    ** ***** * ** * ** * ***** ** * ** * *****
241 : GGTACTTTTC CGACGGTTGA AATGGCTGCT CGTGCTCATG ATGTTGCTGC TTAGCTCTT

283 : CGTGGCCGAT CAGCATGTCT CAACTTCGCT GACTCGGCTT GCGCGCTACG AATCCCGGAG
    ***** ** * ** ***** ** * ** *****
301 : CGTGGCTGCT CTGCTTGTCT CAATTCGCT GATTCTGCTT GCGCGCTTCG TATTCTGAG
  
```

## 【図 2-8】

-0009114

```

343 : TCAACATGCG CCAAGGATAT CCAAAAAGCG GCTGCTGAAG CGGCGTTGGC TTTTCAAGAT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
361 : ACTACTTGTC CTAAGGAGAT TCAGAAAGCT GCGTCTGAAG CTGCAATGGC GTTTCAGAAT

403 : GAGAC----- -GTGTGA-- TACGACGACC AC-GAATCA- TGGCCTGGAC A-TGGAGGAG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
421 : GAGACTACGA CGGAGGGATC TAAAACTGCG GCGGAGGCAG AGGAGGCGGC AGGGGAGGGG

451 : ACGATGGTGG AAGCTATTTA TACACCGGAA CAGAGCGAAG GTGCGTTTTA TATGCATCAG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
481 : GTGAGGGAGG GGGAGAGGAG GCGGAGGAG CAGAATGGTG GTGTGTTTTA TATGCATGAT

511 : GAGACAATGT TTGGGATGCC GACTTTGTTG GATAATATGG CTGAAGGCAT GCTTTTACCG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
541 : GAGGCGCTTT TGGGATGCC CAACTTTTTT GAGAATATGG CGGAGGGGAT GCTTTTGCCG

571 : CCGCCGCTCG TTCAATGGAA TCATAATTAT GACGGCGAAG GAGATGGTGA CGTGTGCTT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
601 : CCGCCGGAAG TTGGCTGGAA TCATA--AC GACTTTGACG GAGTGGTGA CGTGTCACTC

631 : TGGAGTT--- --ACTAA
      * * * * * * * * * *
658 : TGGAGTTTTG ACGAGTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1B.nuc
Size            : 642
Matching Position : 1 - 642

```

```

Sequence 2      : DREB1E.nuc
Size            : 546
Matching Position : 1 - 546

```

Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatch          : 1
Gaps              : 1
*NT              : 2

Matching          : 53.38 [%]
Weight            : 2

```

```

1 : ATGAACATCAT TTTCAAGCTTT TTCTGAAATG TTTGGCTCCG ATTACGAGCC TCAAGGCGGA
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : ATG----- -GAAA-- -ACGAGC AT--ATCA CCGTGGCGGA

61 : GATTATTGTC CGAGCTTGGC CACGAGTTGT CCGAAGAAAC CGGCGGGCCG TAAGAAGTTT
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
30 : GAT----- -GA----- -AG----- CCAAGAAAGC GTGCTGGAGC GAGGATTTTC

121 : CGTGAGACTC GTCACCCAAT TTACAGAGGA GTTCGTCAAA GAAACTCCGG TAAGTGGGTT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
67 : AAGGAGACAC GTCACCCAAT CTACAGAGGC GTGCGGCGTA GGGACGGCGA CAAATGGGTA

181 : TCTGAAGTGA GAGAGCCAAA CAAGAAAACC AGGATTGGC TCGGACTTT CCAAACCGCT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
127 : TCGGAAGTCC GTGAACCGAT TCATCAGCGT CGAGTCTGGC TCGGAACCTA TCCGACGGCA

241 : GAGATGCCAG CTCGTGCTCA CGACGTCGCT GCATTAGCCC TCGGTGGCGG ATCAGCATGT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
187 : GATATGGCCG CACGTGCTCA CGACGTGGCG GTTCTTGCTC TGGCGGGAG ATCCGCGTGT

```

## 【図 2-9】

0009114

```

301 : CTCAACTTCG CTGACTCGGC TTGGCGGCTA CGAATCCCGG AGTCAAC--A TCGGCCAAGG
    * ** * * * * * * * * * * * * * * * *
247 : TTGAATTTC TCGATTCTGC TTGGAGGTTC CCGGTGCCCG CATCCACTGA TCGGCACACG

359 : AT-ATCCAAA AAGCGGCTGC TGAAGCGGCG TTGGCTTTTC AAGATG-AGA CGTGTGATAC
    * * * * * * * * * * * * * * * *
307 : ATCAGGCGCA ---CGGCGGC CGAAGCAGCG -GAGATGTC AGGCCGCCCG AGTTTAGTAC

417 : GACGACCACG AATCATGGCC T-GGACATGG AG---GAGAC GATGGTGAA GCTATTATA
    * * * * * * * * * * * * * * * *
363 : AGGAATTACG -GTTTACCC TCAGCCAGTG AGTTTGACAC GTCGGATGAA G---GAGT

473 : GACCGGAACA GACCGAAGGT CGCTTTTATA TGGATGAGGA GACAATGTTT GCGATGCCGA
    * * * * * * * * * * * * * * * *
417 : CGCTGGAA-- --TGATGAT GAG---GC TCGCGGAGGA GCGTTGATG TCGCCGCCAA

533 : CTTTGTGGA TAATATGGCT GAAGGCATGC TTTTACCGCC GCGTCTGTT CAATGGAATC
    * * * * * * * * * * * * * * * *
467 : GATCGTACAT TGATA---T GAA-----TAC---GAGTGTGA C-GTGGACGA

593 : ATAATTATGA CGCGGAAGGA GATGGTGACG TGTGGCTTG GAGTACTAA
    * * * * * * * * * * * * * * * *
507 : AGAAATGTG- TTACGAA-- ---GATT TGTCACTTG GAGTACTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1B.nuc
Size            : 642
Matching Position : 1 - 642

```

```

Sequence 2      : DREB1F.nuc
Size            : 630
Matching Position : 1 - 630

```

## Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatch     : 1
Gaps         : 1
*nt          : 2

Matching      : 56.23 [%]
Weight       : -34

```

```

1 : ATGAAGTCAT TTTCAGCTTT TTCTGAAATG TTGGCTCCG ATTACGAGCC TCAAGCGGGA
    ***** * * * * * * * * * *
1 : ATGAA-TAAT GATGATATTA TTCT-----GCGGGA

61 : GATTATTGTC CGAGGTGGC CACGAGTTGT CCGAAGAAAC CGCGGGGCGG TAAGAAGTTT
    *** ** * * * * * * * * * *
30 : GAT-----GA---GG CCTAAGAAGC GTGGGGAAG GAGAGTGTTT

121 : CGTGAGACTC GTCACCAAT TTACAGAGGA GTTCGTCAA GAACTCCG TAAGTGGTT
    ***** * * * * * * * * * *
67 : AAGGAGACAC GTCACCCAGT TTACAGAGGC ATAAGGCGGA GGAACGTGA CAAATGGGTC

181 : TCTGAAGTGA GAGAGCCAAA CAAGAAACC AGGATTTGGC TCGGACTTT CCAACCGCT
    * * * * * * * * * * * * * * * *
127 : TCGGAAGTCA GACAACCGAC GCACCAACGC CGCATTTGGC TCGGACTTA TCCACAGCA

241 : GAGATGGCAG CTCGTGCTCA CGAGTCGCT GCATTAGCCC TCGTGGCCG ATCAGCATGT

```



## 【図 2-10】

-0009114

```

187 :  ** ***** * ***** ** ***** ** * ***** * * ***** * ** *****
      GATATGGCAG CGCGTGCACA CGACGTGGCG GTTTTAGCTC TCGTGGGAG ATCCGCATGT

301 :  CTCAACTTCG CTGACTCGGC TTGGCGGCTA CGAATCCCGG AGTCAACATG CGCC-AAGGA
      * * **** * ***** ** ***** * * **** * * * * * * * * * *
247 :  TTGAATTTCG CCGACTCCGC TTGGCGGCTT CCGGTGCCGG AATCCA-ATG ATCCGGATGT

360 :  TATCCAAAAA GCGGCTGCTG AAGCGGCGTT GGCTTTTCAA GATGAGACGT GTGATACGAC
      ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
306 :  GATAAGAAGA GTTGCGGCGG AAGCTCGCGA GATGTTTAGG CCGGTGGATT TAGAAAGTGG

420 :  GACCACGAAT ---CATGGC CTGGACATG- -GAGGA--- GACGATGGT- -CG---AAG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
366 :  AATTACGGTT TTGCTTTGTG CCGGAGATGA TGTGGATTG GGTTTTGGT CCGGTTCGGG

464 :  CTAT--TTAT ACACCGGAAC AGAGCGAAGG TCGGT-TTTA TATGGATGAG GAGACAATGT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
426 :  CTCTGGTTTCG GCATCGGAGG AGAG-GAA- TTCCTCTTCG TATGATTGG GAGACTACG-

521 :  TTGGGATGCC GACTTTGTTG GATAATA-TG GCTGAAGG-- CA-TGCTTTT ACCGCCGC--
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
482 :  AAGAAGTCTC AACGACGAT- GATGAGACTC GCGGAGGGGC CACTAATGTC GCCGCCCGGA

575 :  -CGTCTGTTT AA---TGGAA TCATAATTAT G-----ACGG CGAAGGAGAT G-GT-----
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
541 :  TCGTATATGG AAGACATGAC TCCTACTAAT GTTTACACGG AAGAAGAGAT GTGTTATGAA

619 :  GACGTGTCGC TTTGGAGTTA C-----TAA
      ** **** * ***** * ****
601 :  GATATGTCAT TGTGGAGTTA CAGATATTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1C.nuc
Size            : 651
Matching Position : 1 - 651

```

```

Sequence 2      : DREB1D.nuc
Size            : 675
Matching Position : 1 - 675

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
#N+          : 2

Matching     : 68.34 [%]
Weight       : -233

```

```

1 : ATGAATCAT TT---TCTGC CTTTCTGAA ATGTTT--- --GGCTCCGA TTACGAGTCT
    ***** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : ATGAATCCAT TTTACTCTAC ATTCCAGAC TCGTTTCTCT CAATCTCCGA TCATAGATCT

52 : CCGGTTTCCT CAGCGGTGA TTACAGTCG AAGCTTGCCA CGAGCTGCC CAAGAAACCA
    ***** * **** * ** * * * * * * * * * * * * * *
61 : CCGGTTTCAG ACAGTAGTGA GTGTTACCA AAGTTAGCTT CAAGTTGTCC AAAGAAACGA

112 : GCGGGAAGGA AGAAGTTTCG TGAGACTCGT CACCCAATTT ACAGAGGAGT TCCTCAAAGA
    ** ** **** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
121 : GCTGGGAGGA AGAAGTTTCG TGAGACACGT CATCCGATTT ACAGAGGAGT TCCTCAGAGG

```

## 【図 2-11】

0009114

```

172 : AACTCCGGTA AGTGGGTGTG TGAGTTGAGA GAGCCAAACA AAAAAACGAG GATTTCGCTC
    ** ** **** * **** ** *** * *** **** ** * **** * ** **** **
181 : AATTCTGGTA AATGGGTTTG TGAAGTTAGA GAGCCTAATA AAAAACTAG GATTTCGCTA

232 : GGGACTTTTC AAACCGCTGA CATGGCAGCT CGTGCTCAGC ACGTCGCCGC CATAGCTCTC
    ** **** * ** * *** **** ** **** ** * ** ** ** ****
241 : GGTACTTTTC CGACGGTTGA AATGGCTGCT CGTGCTCATG ATGTTGCTGC TTAGCTCTT

292 : CGTGGCAGAT CTGCTGTCT CAATTCGCT GACTCGGCTT GGGGCTACG AATCCCGGAA
    **** * * **** **** **** ** ** **** **** ** ** **
301 : CGTGGCTGCT CTGCTGTCT CAATTCGCT GATTCTGCTT GCGGCTTCG TATTCCTGAG

352 : TCAACCTGTG CCAAGGAAAT CAAAAGGCG CGGCTGAAG CCGCGTTGAA TTTTCAAGAT
    * ** *** * **** ** ** ** ** **** ** * ** ** **** **
361 : ACTACTGTG CTAAGGAGAT TCAGAAAGCT CGCTCTGAAG CTGCAATGCC GTTTCAGAAT

412 : GAGA-----TGTGTCTA TGA-----CG ACGGATGCTC ATGCTCTGA CA-TGGAGGA
    **** * * ** * * ** **** ** * ** * ** ****
421 : GAGACTACGA CGGAGGATC TAAACTGCC GCGGAGCAG A-GGAGCGG CAGGGGAGG

459 : GAGCTTGGTG GAGGCTATT ATACGCCGA ACAGAGCAA GATGCGTTT ATATGGATGA
    * ** * * * * ** **** **** * ** **** ****
480 : GGTGAGGAG GGGAGAGGA GGGCGAGGA GCAGATGGT GGTGTGTTT ATATGGATGA

519 : AGAGGCGATG TTGGGGATG CTAGTTTGT GGATAACATG GCCGAAGGGA TGCTTTTACC
    ***** * **** ** * ** ** ** ** **** ** **** **
540 : TGAGGCGCTT TTGGGGATG CCAACTTTT TGAGATATG GCGGAGGGA TGCTTTTGC

579 : GTCGCCGTCG GTTCAATGGA ACTATAATT TGATGTCGAG GGAGATGATG ACGTGCCTT
    * **** ** **** * **** ** * ** **** * ** ****
600 : GCGGCCGGA GTTGGCTGA ATCATAA---CGACTTTGAC GGAGTGGTG ACGTGCCTT

639 : ATGGAG---CTATTAA
    **** * * ***
657 : CTGGAGTTT GACGAGTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1C.nuc
Size            : 651
Matching Position : 1 - 651

```

```

Sequence 2      : DREB1E.nuc
Size            : 546
Matching Position : 1 - 546

```

Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatch         : 1
Gaps             : 1
*nt              : 2

Matching         : 54.95 [%]
Weight           : 1

```

```

1 : ATGAAGTAT TTTCTGCTT TTCTGAAATG TTTGGCTCCG ATTACGATC TCCGGTTTCC
    ***          **** * ** ** ** ****
1 : ATG-----GAAA---ACGACG AT---ATC ACCG-----

61 : TCAGGCGGTG ATTACAGTCC GAAGCTTGCC ACGAGCTGCC CCAAGAAACC AGCGGGAAGG
    ***** ** **** * * **** * ** ****

```

【図 2-12】

-0009114

23 : --TGCGGAG AT----- GAAC----- -----C CAAAGAAGCG TGCTGGACGG

121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATT TACAGAGGAG TTCGTCAAAG AACTCCCGT  
\* \* \* \* \* \*\*\*\*\*  
58 : AGGATTTTCA AGGAGACACG TCACCCAATC TACAGAGGCG TCGCGCGTAG GGACGGCAGC

181 : AAGTGGGTGT GTGAGTTGAG AGAGCCAAAC AACAAAACGA GGA-TTTGCC TCGGGACTTT  
\*\* \*\*\*\* \* \* \* \* \* \*\* \* \* \* \* \*  
118 : AAATGGGTAT GCGAAGTCGC TGAACCGATT CA-TCAGCGT CGAGTCTGCC TCGGAACTTA

240 : CCAAACCGCT GAGATGGCAG CTCGTGCTCA CGACGTCGCC GCCATAGCTC TCCGTGGCAG  
\* \* \* \* \*  
177 : TCCGACGGCA GATATGGCCG CACGTGCTCA CGACGTGCCG GTTCTTGCTC TCGCGCGCAG

300 : ATCTGCCTGT CTCAATTTCG CTGACTCGGC TTGGCGGCTA CGAATCCCGG AATCAACCTG  
\*\*\* \*\* \*\*\* \* \*\*\*\* \* \* \* \* \* \*\* \* \* \* \* \*  
237 : ATCCGCGTGT TTGAATTCT CCGATTCTGC TTGGAGGTTG CCGGTGCCGG CATCCA-CTG

360 : TGCCAAGGAA ATCCAAAAAG ---CGGCGG CTGAAGCCGC GTTGAATTT CAAGATGAGA  
\* \* \* \* \*  
296 : ATCC---GCAC A-CGATCAGG CGCACGGCGG CCGAAGCAGC GGAG-ATGTT CAGGCGC-CC

416 : TGTGTCAAT GACGACGGAT GCTCATGCTC TTGACATGGA GGAGACCTTG GTGGAGGCTA  
\* \* \* \* \*  
351 : GGAGT-TTAC TAC-AGGA -ATTACGGTT TTACCCT--- -CAG-CC--A GT-GAG---T

476 : TTTATACGCC GGAACAGAGC CAAGATGCGT TTTATATGGA TGAAGAGGCG ATGTTGGGGA  
\* \* \* \* \*  
395 : TTGACACGTC GGA-TGA -AGGAGTCGC TGGA-AT-SA TGATGAGG- ---TCGCGGA

536 : TGTCTAGTT GT-TGGATAA CATGCCCGAA GGGATGCTTT TACCGTCGCC GTCGGTTCAA  
\* \* \* \* \*  
444 : GGAGCGCGTG ATGTGCGCGC CAAGATCGTA -CATTGAT GA--ATACGA GTGTGTAC-G

595 : TGGAACATA ATTTTGATGT CGAGGGAGAT GATGACGTGT CCTTATGGAG CTATTAA  
\*\*\*\* \* \* \* \* \*  
500 : TGGACGAAGA A----ATGT ----GTAC GAAGATTGT CACTTTGGAG TTAATA

++++

```

Sequence 1      : DREB1C.nuc
Size           : 651
Matching Position : 1 - 651

```

```
Sequence 2      : DREB1F.nuc
Size            : 630
Matching Position : 1 - 630
```

**Matching Condition.**

```
Matches      :    -1
Mismatches   :     1
Gaps         :     1
* N+        :     2

Matching     :    56.10 [%]
Weight       :   -35
```

1 : ATGAACTCAT TTTCTGCCCT TTCTGAAATG TTGGCTCGG ATTACGAGTC TCGGTTTCC  
 \*\*\*\*\* \* \* \* \*  
 1 : ATGAA-----TAATG AT-----G AT-----ATTAT

## 【図 2-13】

0009114

```

61 : TCAGGCGGTG ATTACAGTCC GAAGCTTGCC ACGAGCTGCC CCAAGAAACC AGCGGGAAGG
   ** ***** ** ** * * * * * *****
21 : TCTGGCGGAG AT-----GA---GGC CTAAGAAAGC TGCGGGAAGG

121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATT TACAGAGGAG TTCGTCAAAG AACTCCGCT
   * **** ***** ** ***** ** ***** * * * * *
58 : AGAGTGTTTA AGGAGACAGC TCACCCAGTT TACAGAGGCA TAAGGCGGAG GAACGCTGAC

181 : AAGTGGGTGT GTGAGTTGAG AGAGCCAAAC AAGAAACGA GGATTGGCT CGGGACTTTC
   ** ***** * * * * * ** * * * * * * * * * * *****
118 : AAATGGGTCT GCCAAGTCAG AGAACCGACG CACCAACGCC GGATTGGCT CGGGACTTAT

241 : CAAACCGCTG AGATGGCAGC TCGTGCTCAC GACGTGCGCG CCATAGCTCT CCGTGGCAGA
   * ** * * * ***** ***** ** * ***** *****
178 : CCCACAGCAG ATATGGCAGC GCGTGCACAC GACGTGCGCG TTTTAGCTCT GCGTGGGAGA

301 : TCTGCCGTGC TCAATTTGCG TGAATCGGCT TGGCGGCTAC GAATCCCGGA ATCAACCTGT
   ** ** * * * ***** ***** ** * ***** ** *
238 : TCGCATGTTT TGAATTTGCG CGACTCGGCT TGGCGGCTTC CCGTCCCGGA ATCCAATGAT

361 : GCCAAGGAAA TCCAAAAGGC GCGGCGTGAA GCCGCGTTGA ATTTTCAAGA TG---AGATGT
   * * * * * ** * ***** ** * * * * * * * * *
298 : CCGGATGTGA TAAGAAGAGT TGGGCGGAAA GCTGCGGAG- ATGTTTAGGC CCGTGGGATT

419 : GTCATATG- ACCACGGATG CTCATGGT-C TTGACATG- CAGCA---G ACCTTGGTGG
   * ** * ***** * * * * * ** * * * * *
357 : AGAAAGTGGA ATTACGGTTT TGCCTTGTCG GGGAGATGAT GTGGATTGGG GTTTTGGTTT

470 : AGGCTATTTA TACG---CCG GAACAGAGCC AAG--ATGCG T-TTTATATG GATGAAGAGG
   ** * * * * * * * * * * ** * * * * * * * * *
417 : GGGTTCGCGC TCTGGTTCGG GATCGGAGGA GAGGAATTCT TCTTCGTATG GATTTCGAGA

524 : CGATGTTGGG GATGCTAGT TTGTGGATA ACA-TGGCCG AAGGGATGCT TTTACCGTCG
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
477 : CTACGAAGAA G-TCTCAACG ACGAT-GATG AGACTCGCGG AGGGGCGACT AATGTCGCGG

583 : CCGTCGGT- TCAATGGAA- -----C TA-TAATTTT GATGTCGAGG --GAGATG--
   *** ** * * ***** * * ***** ** * * * *
535 : CCG-CGATCG TATATGGAAG ACATGACTCC TACTAATGTT TACACGGAAG AAGAGATGTG

626 : --ATGACG- -TGTCCTTAT GG-----AG CTATTAA
   **** * **** ** * * * ** *****
594 : TTATGAAGAT ATGTCATTGT GGAGTTACAG ATATTAA

```

+++++

Sequence 1 : DREB1D.nuc  
 Size : 675  
 Matching Position : 1 - 675

Sequence 2 : DREB1E.nuc  
 Size : 546  
 Matching Position : 1 - 546

## Matching Condition.

Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 \*Nt : 2  
 Matching : 51.26 [%]  
 Weight : 29

## 【図 2-14】

0009114

```

1 : ATGAATCCAT TTTACTCTAG ATTCCCAGAC TCGTTTCTCT CAATCTCCGA TCATAGATCT
   ***          **          ** * ** * ***
1 : ATC-----GA-----AAACGACGA T-----ATCA

61 : CCGGTTTCAG ACAGTAGTGA GTGTTACCA AAGTTAGCTT CAAGTTGTCC AAAGAAACGA
   ** ** * * **          * *** ** ***** **
20 : CC-GTGGCGG A-----GA-----T GAAG---CC AAAGAAGCGT

121 : GCTGGGAGGA AGAAGTTTCG TGAGACACGT CATCCGATTT ACAGAGGAGT TCGTCAGAGG
   ***** ** ** * ***** ** * * ***
49 : GCTGGACGGA GGATTITCAA GGAGACACGT CACCCAATCT ACAGAGGCGT GCGGCGTAGG

181 : AATTCTGGTA AATGGCTTTC TCAAGTTAGA GAGCCTAATA AGAAATCTAG GATTGGTTA
   * * * ***** ** ***** * ** * * * * *
109 : GACGCGGACA AATGGGTATG CGAAGTCCGT GAACCGATTC ATCAGCGTCG AGTCTGGCTC

241 : GCTACTTTTC CCACGCTTGA AATCGCTGCT CGTGCTCATG ATGTTGTGTC TTAGCTCTT
   ** **** ** ***** ** ***** ** * ** * * *
169 : GGAACCTTATC CGACGGCAGA TATGCGCGCA CGTGCTCAGC ACGTGGCGGT TCTTGCTCTG

301 : CGTGGTCGCT CTGCTTGTCT CAATTTCCGT GATTCTGCTT GCGGCGTTCG TATTCCTGAG
   ** ** * * * ** * ***** * ** * * *
229 : CGCGGGAGAT CCGCGTGTTC GAATTTCTCC GATTCTGCTT GGAGGTTGCC GGTGCGGCA

361 : ACTACTTGTC CTAAGGAGAT TCAGAAAGCT GCGTCTGAAG CTGCAATGCC GTTTCAGAAT
   * *** ** * * *** * * * * * * * *
289 : TCCACTGATC CGGACACGAT CAGCGGCACG GCGGCCGAAG CAGCGGAGAT G-TTCAG--

421 : GAGACTACGA CGGAGGGATC TAAACTGCG GCGGAGGCAG AGGAGCGGC AGGGGAGGCG
   ** ***** * ** * * * * * * *
345 : -----GCCGC CGGAG---TT TAGTACAG-G AATTA---CGG TTTTACCCTC A-GCCAGTGA

481 : GTGAGGGAGG CGGAGAGGAG GCGGAGGAG CAGAATGGTG GTGTGTTTTA TATGGATGAT
   ** * * * * * * * * * * * * * *
393 : GTTTGACACG TCG-CATGAA GGACTGCTG --GAATGATG ATGAG-----GCTGCGGAG

541 : GAGCGCGCTT TGGGATGCC CAACTTTTTT GAGAATATGG CGGAGGGGAT GCTTTTGCCG
   *** ** * ** * * * * * * * *
445 : GAGCCGTTGA TGTGCGCGCC AAGATCGTAC ATTGATAT-----GAAT ACGAGTG--

601 : CCGCCGGAAG TTGCTGGAA TCATAACGAC TTTGACGGAG TGGGTGACGT GTCACCTGCG
   * * * * * * * * * * * * * *
494 : ----TGACG TGGAC---GAA --GAAATG-- TGTTACGAA-----GATTT GTCACTTTGG

661 : AGTTTTGACG AGTAA
   **** * ***
538 : AGTT-----ACTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1D.nuc
Size            : 675
Matching Position : 1 - 675

```

```

Sequence 2      : DREB1F.nuc
Size            : 630
Matching Position : 1 - 630

```

Matching Condition.

【図 2-15】

0009114

```
Matches      : -1
Mismatch     : 1
Gaps         : 1
*H+          : 2

Matching     : 54.92 [%]
Weight       : -24
```

1 : ATGAATCCAT TTTACTCTAC ATTCCCAGAC TCGTTTCTCT CAATCTCCGA TCATAGATCT  
\*\*\*\*\*  
1 : ATGAAT----- -AAT---GA TGATATTATT

61 : CCGGTTTCAG ACAGTAGTGA GTGTTACCA AAGTTAGCTT CAAGTTGTCC AAAGAAACGA  
\* \*\* \* \* \* \*  
22 : CTGG---CGG AGA---TGA -----GCCC TAAGAAGCGT

121 : GCTGGGAGGA AGAAGTTTCG TGAGACACGT CATCCGATTT ACAGAGGAGT TCGTCAGAGG  
\*\* \*\* \*\*\*\* \* \* \* \*  
49 : GCGGGAAGGA GAGTGTAA GAAGACACGT CACCCAGTTT ACAGAGGCAT AAGCGGAGG

181 : AATTCTGTA AATGGTTTG TGAAGTTAGA GAGCCTAATA AGAAATCTAG GATTTGGTTA  
\*\* \*\* \* \* \* \* \*  
109 : AACGGTGACA AATGGTCTG CGAAGTCAGA GAACGACGCG ACCAACGCCG CATTTGGCTC

241 : GGTACTTTTC CGACGGTTGA AATGGCTGCT CGTGCTCATG ATGTTGCTGC TTTAGCTCTT  
\*\* \*\*\*\* \* \* \* \*  
169 : GGGACTTATC CCACAGCAGA TATGGCAGCG CGTGCCACAG ACGTGCGGT TTTAGCTCTG

301 : CGTGGTGGCT CTGCTGTCT CAATTTCGCT GATTCTGCTT GCGGCTTCG TATTCCTCAG  
\*\*\*\*\* \* \* \* \*  
229 : CGTGGGAGAT CCGATGTTT GAATTTCGCC GACTCCGCTT GCGGCTTCG GGTCCCGAA

361 : ACTACTTTC CTAAGGAGAT TCAGAA-AGC TCGCTCTGAA GCTGCAATGG CGTTTCAGAA  
\* \* \* \* \*  
289 : TCCAATGATC CGGATGTGA- TAAGAAGAGT TCGGCGGAA GCTGCGGAGA TGTTTAGGCC

420 : TG-AGACTAC GACGAGGGA TCTAAACTG CGGC---GGA GGCAGAGGAG GCGG-CAGGG  
\* \* \* \* \*  
348 : GGTGGATTTA GAAAGTGAA T-TACGGTTT TGCCTTGTGC GGGAGATGAT GTGGATTGG

475 : GAGGGGCTGA GGG---AGGG GGAGAGGAGC G---CGGAGGA GCAGAATGGT GGTGTGTTTT  
\* \* \* \* \*  
407 : GTTTTGGTTC GGGTTCGGC TCTGGTTCGG GATCGGAGGA GAGGAAT--- -TCTTCTTC

530 : ATATGCATGA TGAGGCGCTT TTGGGATG- CCCAACTTTT TTGA-GAATA TGGCGGAGGG  
\*\*\*\*\*  
462 : GTATGGATTG GGAGAC---T ACGAAGAAGT CTCAACGACG ATGATGAGAC TCGCGGAGGG

588 : GATGCTTTTG CCGCGCGCG- GAAGTTGGCT GGAA-TCATA A---CGAC---TTTGAC  
\* \*\* \* \* \* \*  
519 : GCCACTAATG TCGCGCGCGC GATCGTATAT GGAAGACATG ACTCTACTA ATGTTTACAC

637 : GGA-----GTG---G GTGACGTCTC ACTCTGAGT TTTGACGAGT AA  
\*\*\*  
579 : GGAAGAAGAG ATGTGTTATG AAGATATGTC ATTGTGGAGT TACAGATATT AA

+++++

Sequence 1 : DREB1E.nuc  
Size : 546

【図 2-16】

0009114

Matching Position : 1 - 546

Sequence 2 : DREB1F.nuc  
Size : 630  
Matching Position : 1 - 630

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*N+ : 2

Matching : 69.26 [%]  
Weight : -221

```

1 : ATGGAACG ACGATATCAC CGTGGCGGAG ATGAAGCCAA AGAAGCGTGC TGGACGGAGG
   *** * * * * ***** * ***** **** * * ***** *** ****
1 : ATGAATAATG ATGATATTAT TCTGGCGGAG ATGAGGCCCTA AGAAGCGTGC GGAAGGAGA

61 : ATTTTCAGG AGACACGTCA CCCAATCTAC AGAGGCGTGC GCGGTAGGGA CGGCGACAAA
   * * * * * ***** **** * * * ***** * **** * * * *****
61 : GTGTTTAAGG AGACACGTCA CCCAGTTTAC AGAGGCATAA GCGGAGGAA CGGTACAAA

121 : TGGGTATGCG AAGTCCTGA ACCGATTCTT CAGCGTCGAG TCTGCTCGG AACTTATCCG
     ***** **** * * * ***** * * * * * * ***** *****
121 : TGGGTCTGCG AAGTCAGAGA ACCGACGCAC CAACGCCGCA TTTGCTCGG GACTTATCCC

181 : ACGGCAGATA TGGCCGACG TGCTCAGCAG GTGGCGGTTT TTGCTCTCGG CGGAGATCC
     ***** **** * * * ***** ***** * ***** *****
181 : ACAGCAGATA TGGCAGCGG TGCACACGAC GTGGCGGTTT TAGCTCTCGG TGGAGATCC

241 : GCGTGTITGA ATTTCTCGGA TTCTGCTTGG AGGTTGCCGG TGCCGGCATC CACTGATCCG
     ***** **** * * * ***** * * * * * * ***** ****
241 : GATGTITGA ATTTCTCGGA CTCCGCTTGG CGGCTTCCGG TGCCGGAATC CAATGATCCG

301 : GACACGATCA GCGCGACGGG GCGCGAAGCA GCGGAGATGT TCAGGCCGCC GGAGTTAG-
     * * * * * * * * * * * ***** * ***** * * * * *
301 : GATGTGATAA GAAGAGTTGC GCGGGAAGCT GCGGAGATGT TTAGGCCGT GGA-TTAGA

360 : TACAGGAATT ACGGTTTTAC CCTCAGC-C AG----- ---TGAGTT T-----
     * ***** ***** * * * * * * * * * * * * * * *
360 : AAGTGAATT ACGGTTTTGC CTGTGCGGG AGATGATGTG GATTGGGTT TTGCTCGGG

397 : -----GACA-----CGT-CGGAT-----
     * * * * * * * * * *
420 : TTCCGCTCT GGTTCGGAT CGGAGGAGAG GAATTCCTCT TCGTATGGAT TTGAGACTA

409 : -GAAGGATC GGTGAATCA TGATGAGCT CGCGAGGAG CCGTTGATGT CGCCGCAAG
     **** * * * * * ***** * * * * * * * * * * *
480 : CGAAGAGTC TCAACGACGA TGATGAGCT CGCGAGGGG CCACTAATGT CGCCGCGCG

468 : ATCGTACAT- TGATATCA -ATACGAG TGTGTACGTG GACGAAGAAA TGTETTACGA
     ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
540 : ATCGTATATG GAAGACATCA CTCCTACTAA TGTTTACAGG GAAGAAGAGA TGTETTATGA

522 : AGATTGTCA CTTTGAATT AC-----TA A
     **** * * * * * * * * * * * * *
600 : AGATATGTCA TTGTGAATT ACAGATATTA A
  
```

## 【図 3-1】

[GENETYX-MAC: Maximum Matching]  
Date: 2003.03.03

0046368

+++++

Sequence 1 : DREB1A.aa  
Size : 216  
Matching Position : 1 - 216

Sequence 2 : DREB1B.aa  
Size : 214  
Matching Position : 1 - 214

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*H+ : 2  
Matching : 85.78 [%]  
Weight : -148

1 : MNSFSAFSEM FGSDYESSVS SGGDYIPTLA SSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRRRNSG  
\*\*\*\*\*  
1 : MNSFSAFSEM FGSDYE---P QGGDYCPTLA TSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRRRNSG

61 : KWVCEVREPN KKTRIWLGTQ QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFADSA WRLRIPESTC  
\*\*\*  
58 : KWVCEVREPN KKTRIWLGTQ QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFADSA WRLRIPESTC

121 : AKDIQKAAAE AALAFQDEMC D-ATTNGFD MEETLYEAIY TAEQSENAFY MHDEAMFEMP  
\*\*\*\*\*  
118 : AKDIQKAAAE AALAFQDETC DTTTNGLD MEETMVEAIY TPEQSEGAFY MDEETMFGMP

180 : SLLANMAEGM LLPLPSVQWN HNEVDGDDO DVSLWSY-  
\*\*  
178 : TLLDNMAEGM LLPPPSVQWN HNYDGEG-DG DVSLWSY\*

+++++

Sequence 1 : DREB1A.aa  
Size : 216  
Matching Position : 1 - 216

Sequence 2 : DREB1C.aa  
Size : 217  
Matching Position : 1 - 217

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*H+ : 2  
Matching : 86.70 [%]  
Weight : -154

1 : MNSFSAFSEM FGSDYESSVS SGGDYIPTLA SSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRRRNSG  
\*\*\*\*\*  
1 : MNSFSAFSEM FGSDYSPVS SGGDYSPKLA TSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRRRNSG

61 : KWVCEVREPN KKTRIWLGTQ QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFADSA WRLRIPESTC  
\*\*\*\*\*



## 【図 3-2】

0046368

```

61 : KNYCELREP KKTRIWLGT QTAEMAARAH DVAAIALRGR SACLNFADSA WRLRIPESTC

121 : AKDIQKAAAE AALAFQDEM DATD-HCFD MEETLVEAIY TAEQSENAFY MHDEAMFEMP
** ***** ** ***** ** * ***** * *** ** * ** *
121 : AKEIQKAAAE AALNFQDEM HMTTDAHGLD MEETLVEAIY TPEQSQDAFY MDEEAMLGMS

180 : SLLANMAEGM LLPLPSVQWN HNHEVGDDDD DYSLWSY-
*** ***** ** ***** * * * *****
181 : SLLDNMAEGM LLPSPSVQWN YNFDVEG-DD DYSLWSY*

```

++++

```

Sequence 1      : DREB1A.aa
Size            : 216
Matching Position : 1 - 216

```

```

Sequence 2      : DREB1D.aa
Size            : 224
Matching Position : 1 - 224

```

## Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H+         : 2

Matching      : 65.04 [%]
Weight       : -56

```

```

1 : MNSF-SAF-- SEMFGSDYES SVSSGGDYIP TLASSCPKPK AGRKKFRETR HPIYRGVRRR
** * * * * ** * * * * ***** ***** *****
1 : MNPFFYSTFPD SFLSISDHRS PVSDSSECSK KLASSCPKPK AGRKKFRETR HPIYRCVRQR

```

```

58 : NSGKVVCEVR EPNKKTRIWL GTFQTAEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE
***** ***** ** * **** ***** ***** *****
61 : NSGKVVCEVR EPNKKSRIWL GTFPTVEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE

```

```

118 : STCAKDIQKA AEAALAFQD EMCDDTNDG FOMEETLVE- ---AIYTAE QSENAFYMHQ
** * **** * *** ** * ** * ** * ** * ** *
121 : TTCPKETQKA ASEAAAFQN ETTEGSKTA AEAEAAEGEG VREGERRAE QNGGVFYMDQ

```

```

173 : EAMFEMPSLL ANMAEGMLLP LPSVQWNHNNH EVDGDDDDVS LWS--Y
** ** ***** * * **** ** *** **
181 : EALLGMPNFF ENMAEGMLLP PPEVGNHNNH DFDG-VGDVS LWSFDE

```

++++

```

Sequence 1      : DREB1A.aa
Size            : 216
Matching Position : 1 - 216

```

```

Sequence 2      : DREB1E.aa
Size            : 181
Matching Position : 1 - 181

```

## Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H+         : 2

Matching      : 45.87 [%]
Weight       : 32

```

## 【図 3-3】

0046368

```

1 : MNSFSAFSEM FGS DYESSVS SGGDYIPTLA SSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRRRNSG
* * * * *
1 : M----- -ENDDI-TVA EMKPKKRAGR RIFKETRHPI YRGVRRRDCD

61 : KRVCEVREPN KTRIWLGTG QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFADSA WRLRIPESTC
***** * * * *
40 : KRVCEVREPI HQRRVWLGTY PTADMAARAH DVAVLALRGR SACLNFSOSA WRLVPVASTD

121 : AKDIQKAAAE AALAFQDEMC DATTOHGFDM EETLVEAIYT AEQSENAFYM HDEAMFEMPS
* * * * *
100 : PDTIRRTAAE AA-----EM-----FRP PE--FSTGIT VLPSASEFDT SDEGVAGMMH

181 : LLANMAEGML LPLPSVQWNH NHEVD--GDD DDVSLWSY
* * * * *
145 : RLA-EEPLMS PPRS YIDMNT SVYVDEENCY EDLSLWSY

```

+++++

```

Sequence 1      : DREBIA.aa
Size            : 216
Matching Position : 1 - 216

```

```

Sequence 2      : DREBIF.aa
Size            : 209
Matching Position : 1 - 209

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H+         : 2
Matching     : 43.91 [%]
Weight       : 42

```

```

1 : MNSFSAFSEM FGS DYESSVS SGGDYIPTLA SSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRRRNSG
* * * * *
1 : MN----- --NDDI-ILA EMRPKKRAGR RVFKETRHPI YRGIRRRNGD

61 : KRVCEVREPN KTRIWLGTG QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFADSA WRLRIPESTC
***** * * * *
40 : KRVCEVREPT HQRRVWLGTY PTADMAARAH DVAVLALRGR SACLNFAOSA WRLVPVPSND

121 : AKDIQKAAAE AALAF--QDE MCDAT--TDH GFDMEETLVE AIYTAEQSE--NAFYMHDEA
* * * * *
100 : PDVIRRVAAE AAEMFRPVOL ESGITYLPCL GDDVDLGFGS GSGSGSGSEE RNSSSYGFGD

175 : MFEMPSLLAN MAEGMLPLP -----SVQW NHHNEVDGDD DDVSLWS--Y
* * * * *
160 : YEEVSTTMMR LAEGPLMSPP RSYMEDMTPT NVTYEEENCY EDMSLWSYRY

```

+++++

```

Sequence 1      : DREBIB.aa
Size            : 213
Matching Position : 1 - 213

```

```

Sequence 2      : DREBIC.aa
Size            : 217
Matching Position : 1 - 217

```

## 【図 3-4】

0046368

## Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H+         : 2

Matching     : 86.18 [%]
Weight       : -153

```

```

1 : MNSFSAFSEM FGSDYE---P QGGDYCPTLA TSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVQRNSG
   *****
1 : MNSFSAFSEM FGSDYESPVS SGGDYSPKLA TSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVQRNSG

58 : KVVSEVREP KKTRIWLGTF QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFADSA WRLRIPESTC
    *** * ****
61 : KVVCELREP KKTRIWLGTF QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFADSA WRLRIPESTC

118 : AKDIQKAAAE AALAFQDET CDTTTHGLD MEETMVEAIY TPEQSEAFY MDEETMFGMP
    ** *****
121 : AKDIQKAAAE AALNFQDENC HMTTDAHGLD MEETLVEAIY TPEQSQAFY MDEEAMLGMS

178 : TLLDNMAEGM LLPPSPVQWN HNYDGEDGDD VSLWSY-
    *****
181 : SLLDNMAEGM LLPPSPVQWN YNFDVEGDD VSLWSY+

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1B.aa
Size            : 213
Matching Position : 1 - 213

```

```

Sequence 2      : DREB1D.aa
Size            : 224
Matching Position : 1 - 224

```

## Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H+         : 2

Matching     : 65.93 [%]
Weight       : -56

```

```

1 : MNSF-SAF--- SEMFGSDYEP QGGD---YCP TLATSCPKKP AGRKKFRETR HPIYRGVRQR
   ** * * * *
1 : MNPFYSTFPD SFLSISDHRS PVSDSSECS KLASCPKPR AGRKKFRETR HPIYRGVRQR

55 : NSGKVVSEVR EPNKKTRIWL GTFQTAEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE
    *****
61 : NSGKVVSEVR EPNKKSRIWL GTFPTVEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE

115 : STCAKDIQKA AAEALAFQD ETCDTTTHNH GLDMEE---T MVE---AIYTP EQSEGAIFYMD
    ** * ****
121 : TTCPEIKQA ASEAAAFQN ET-TTEGSKT AAEAEAAAGE GVREGERRAE EQNGGVIFYMD

170 : EETMFGMPTL LDNMAEGMLL PPSPVQWNHN YDGEDGDVYS LWS---Y
    * ***
180 : DEALLGMPNF FENMAEGMLL PPPEVGWNHN -DFDGVGDVYS LWSFDE

```

## 【図 3-5】

0046368

+++++

Sequence 1 : DREB1B.aa  
Size : 213  
Matching Position : 1 - 213

Sequence 2 : DREB1E.aa  
Size : 181  
Matching Position : 1 - 181

## Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*Nt : 2  
Matching : 44.95 [%]  
Weight : 34

1 : MNSFSAFSEM FGSDYEPQGG DYCPATLASC PKKPAGRKKF RETRHPYRG VRQRNSGKVV  
\* \* \* \* \*  
1 : M-----E MDDITVAEMK PKKRAGRRIF KETRHPYRG VRRRDGDKVV

61 : SEVREPNNKT RIWLGTFQTA EMAARAHDA ALALGRSAC LNFADSAWRL RIPESTCAKD  
\*\*\*\*\*  
43 : CEVREPIHQR RVWLGTYPTA DMAARAHDA VLALGRSAC LNFADSAWRL PVPASTDPDT

121 : IQKAAAEAL AFQDETCDIT TTNHGLDME TIVEAIYTP QSEGAFYMD EIMFGMPTLL  
\* \* \* \* \*  
103 : IIRTAEEAE MFRPPEFSTG IT-----VLPS ASE--FDTSD EGVACMMRL

181 : DNMAEGMLLP PPSVQWNNH- --YDGE-GD GDVSLWSY  
\* \* \* \* \*  
147 : ---AEEPLMS PPSYIDWNT SVYVDEEMCY EDLSLWSY

+++++

Sequence 1 : DREB1B.aa  
Size : 213  
Matching Position : 1 - 213

Sequence 2 : DREB1F.aa  
Size : 209  
Matching Position : 1 - 209

## Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*Nt : 2  
Matching : 43.72 [%]  
Weight : 43

1 : MNSFSAFSEM FGSDYEPQGG DYCPATLASC PKKPAGRKKF RETRHPYRG VRQRNSGKVV  
\* \* \* \* \*  
1 : MN-----HDDIILAEMR PKKRAGRRVF KETRHPYRG IRRRNGDKVV

61 : SEVREPNNKT RIWLGTFQTA EMAARAHDA ALALGRSAC LNFADSAWRL RIPESTCAKD  
\*\*\*\*\*  
43 : CEVREPIHQR RIWLGTYPTA DMAARAHDA VLALGRSAC LNFADSAWRL PVPESNDPDV

121 : IQKAAAEAL AF---QETC DTTTNHGLD MEETMVEAIY TPEQSE----GAFYMDDE

【図 3-6】

0046368

```

103 : IRRVAAEAAE MFRPVDLESG ITVLPCAGDD VDLGFGSGSG SCGSGSEERNS SSYGFQDYEE
      *   *****   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *
172 : TMFGMPTLLD NMAEGMLLP P-----SVQ WHHNYDGE-G DGDVSLWS- Y
      *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *
163 : VSTTHMRL-- --AEGPLMSP PRSYMEDMTP THVYTEEMC YEDMSLWSYR Y
      *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1C.aa
Size            : 216
Matching Position : 1 - 216

```

```

Sequence 2      : DREB1D.aa
Size            : 224
Matching Position : 1 - 224

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*NT         : 2

Matching      : 65.33 [%]
Weight       : -59

```

```

1 : MNSF-SAF-- SEMFGSDYES PVSSGGDYSK KLATSCPKKP AGRKKFRETR HPIYRGVRQR
  ** * * * * ** * *** ** *** ***** *****
1 : MNPFYSTFPD SFLSISDHRV PVSDESSECS KLASSCPKKR AGRKKFRETR HPIYRGVRQR

```

```

58 : NSGKWVCELR EPNKKTRIWL GTFQTAEMAA RAHDVAAIAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE
    ***** * ***** **** * **** ***** ** *****
61 : NSGKWVCEVR EPNKKSRWL GTFPTVEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE

```

```

118 : STCAKEIQKA AEAALNFQ- ---DEMCHMT TDAHGLDMEE TLVEAIYYPE QSQDAFYMDE
    ** ***** * *** ** * * * * * * * * * *
121 : TTCPKKEIQKA ASEAAAFQV ETTTEGSKTA AEAEAAAGEG VREGERRAE QNGGVFYMD

```

```

174 : EAMLCMSLL DNMAEGMLLP SPSVQWNYNF DVEGDDVSL WS--Y
    ** *** ***** * * * * * * * * * *
181 : EALLGMPNFF ENMAEGMLLP PPEVGWNHN- DFDGVGDVSL WSFDE

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1C.aa
Size            : 216
Matching Position : 1 - 216

```

```

Sequence 2      : DREB1E.aa
Size            : 181
Matching Position : 1 - 181

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*NT         : 2

Matching      : 43.24 [%]
Weight       : 42

```

## 【図 3-7】

0046368

```

1 : M-NSFSAFSE MFGSDYESPV SSGDYSPKL ATSCPKKAG RKKFRETRHP IYRGVRQRNS
   * * * * *
1 : MENDDITVAE M-----KPKKRAG RRIFKETRHP IYRGVRRRDG

60 : GKWVCELREP NKKTRIWLGT FQTAEMAARA HDVAAIALRG RSACLNFAAS AWRLRIPEST
   ***** **
39 : DKWVCEVREP IHQRRVWLGT YPTADMAARA HDVAVLALRG RSACLNFSAS AWRLPVPAST

120 : CAKEIQKAAA EALNFQDEM CHMTTDAHGL DMEETLVEAI YYPEQSQDAF YMDEEAMLGM
   * * * * *
99 : DPTIRRTAA EAA---EM FRPPEFSTG-----ITVLPASEF DTSDEGVAGM

180 : SSLDNMAEG MLLPSPSVQW MYNFDVEGD---DDVSLW SY
   * * * * *
143 : MWRL---AEE PLMSPPRSYI DMNTSVYVDE EMCYEDLSLW SY
  
```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1C.aa
Size            : 216
Matching Position : 1 - 216

Sequence 2      : DREB1F.aa
Size            : 209
Matching Position : 1 - 209

Matching Condition.

Matches        : -1
Mismatches     : 1
Gaps           : 1
*NT*          : 2

Matching       : 41.88 [%]
Weight        : 52
  
```

```

1 : MNSFSAFSEM FGSDYESPVS SGGDYSPKLA TSCPKKPAGR KKFRETRHP IYRGVRQRNSG
   ** * * * * *
1 : MN-----NDDIILA ENRPKKRAGR RVFKETRHPV YRGIRRRNGD

61 : KKWVCELREP NKKTRIWLGT FQTAEMAARA HDVAAIALRG RSACLNFAAS AWRLRIPESTC
   ***** **
40 : KKWVCEVREP HQRRVWLGT YPTADMAARA HDVAVLALRG RSACLNFAAS AWRLPVPESTN

121 : AKEIQKAAA EALNF---QDE MCHMT---TDHGLDMEETLVEAIYYPE---QSQDAFYM
   * * * * *
100 : PDVIRRVAAE AAEFRPVDL ESGITVLPCA GDDVDLGFGS GSGSGSGSEE RNSSSYGFGD

172 : DEEAMLGMS LLDNMAEGML LPSP-----SVQWYNFDE VEGDDVSLW S---Y
   ** * * * * *
160 : YEEVSTTMMR L---AEGPL MSPPRSVMED MTPTNVYTEE EMCYEDMSLW SYRY
  
```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1D.aa
Size            : 224
Matching Position : 1 - 224

Sequence 2      : DREB1E.aa
Size            : 181
Matching Position : 1 - 181

Matching Condition.
  
```

【図 3-8】

0046368

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*Ht         : 2

Matching     : 42.17 [%]
Weight       : 50

1 : MNPFYSTFPD SFLSISDHRV PVSDSSECSK KLASSCPKKR AGRKKFRETR HPIYRGVRQR
* * * * *
1 : MENDDIT-----VAEMKPKKR AGRRIFKETR HPIYRGVRRR

61 : NSGKWVCEVR EPNKKSRIWL GTFPTVEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE
* * * * *
37 : DGDKWVCEVR EPIHQRRVWL GTYPTADMAA RAHDVAVLAL RGRSACLNFS DSAWRLPVPA

121 : TTCPKETQKA ASEAAAFQN ETTTEGSKTA AEAEAAAGEG VREGERRAE QNGGVFYMDQ
* * * * *
97 : STDPDTIRRT AAEAAEMF-----RPPEFSTGIT V---LPSASE ----FDTSD

181 : EALLGMPNFF ENMAEGMLLP PPEVGWNHND FDGV-----GDVSLWSFDE
* * * * *
137 : EGVAGM---M MRLAEPLMS PPRSYPDNT SVYVDEEMCY EDLSLWS--Y

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1D.aa
Size            : 224
Matching Position : 1 - 224

Sequence 2      : DREB1F.aa
Size            : 209
Matching Position : 1 - 209

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*Ht         : 2

Matching     : 42.13 [%]
Weight       : 49

```

```

1 : MNPFYSTFPD SFLSISDHRV PVSDSSECSK KLASSCPKKR AGRKKFRETR HPIYRGVRQR
** ** * * * * *
1 : MN-----NDDI ILAEMRPKKR AGRRVFKETR HPVYRGIRRR

61 : NSGKWVCEVR EPNKKSRIWL GTFPTVEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE
* * * * *
37 : NGDKWVCEVR EPTHQRRVWL GTYPTADMAA RAHDVAVLAL RGRSACLNFA DSAWRLPVPE

121 : TTCPKETQKA ASEAAAFQN ETTTEG--SK TAAAEAAAG EGVREG-ERR AEEQNGGVFY
* * * * *
97 : SNQPDVIRRV AAEAAEMFRP VDLESGITVL PCAGDDVDLG FGSGSGSGSG SEERNSSSYG

178 : MDDEALLCMP NFFENMAEGM LLPPP---E VGWNHN---DFDGVGDVSL WSFDE
* * * * *
157 : FGD--YEEVS TTMMRLAEGP LMSPPRSYME DMTPTNVYTE EEMCYEDMSL WSYRY

```

+++++

## 【図 3-9】

0046368

Sequence 1 : DREB1E.aa  
 Size : 181  
 Matching Position : 1 - 181

Sequence 2 : DREB1F.aa  
 Size : 209  
 Matching Position : 1 - 209

## Matching Condition.

Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 \*N\* : 2

Matching : 69.38 [%]  
 Weight : -71

```

1 : MENDDITVAE MKPKKRAGRR IFKETRHPYI RGVRRRDGDK WVCEVREPIH QRRVWLGTYP
  * *** ** * ***** ***** * ** *** ** ***** * *** *****
1 : MNNDIILAE MRPKKRAGRR VFKETRHPVY RGIRRRNGDK WVCEVREPTH QRRVWLGTYP

61 : TADMAARAND VAVLALGRS ACLNFSDSAW RLPVPASTDP DTIRRTAAEA AEMFRPPEFS
  ***** ***** ***** **** ***** * ** * *** **** *****
61 : TADMAARAND VAVLALGRS ACLNFADSAW RLPVPESNDP DVIRRVAAEA AEMFRPYDLE

121 : TGITVLP--- -----SASEFD TS-----D EGVAGMMRL AEEPLMSPPR
  ***** * ** * * * **** ** *****
121 : SGITVLPAG DDVDLGFGSG SGSGSGSEER NSSSYGFGDY EEVSTTMRL AEGPLMSPPR

157 : SY-IDM-NTS VYVDEEMCYE DLSLWS--Y
  ** ** * ** ***** * **** *
181 : SYMEDMTPTN VYTEEEMCYE DMSLWSYRY
  
```



## 【図 4-1】

-0010181

+++++

Sequence 1 : DREB2A.nuc  
 Size : 1008  
 Matching Position : 1 - 1008

Sequence 2 : DREB2B.nuc  
 Size : 993  
 Matching Position : 1 - 993

Matching Condition.

Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 \*Nt : 2  
 Matching : 63.40 [%]  
 Weight : -222

```

1 : ATGGCAGTTT ATGATCAGAG TGGAGATAGA AACAGAACAC AAATTGATAC ATCGAGGAAA
**** ** * **** ** * ** *** ** ** *** ****
1 : ATGGCTGTAT ATCAACAAC CGG----- AACCGAGCA- ----- GCCGAAGAAA

61 : AGGAAATCTA GAAGTAGAGG TGACGGTACT ACTGTGGCTG AGAGATTAA GAGATCGAAA
***** ** * **** * *** ** ***** * ** **** ** *****
43 : AGGAAATCTA GGGCTCGAGC AGGTGGTTTA ACGGTGGCTG ATAGGCTAA GAAATCGAAA

121 : GAGTATAACG AGACCGTAGA AG---AAGT TTCTACCAAG AAGA----- ----GAAA
**** ** * **** ** * ** * * * *** ** * * * ***
103 : GAGTACAACG AGATTGTTGA AGCTTCGGCT GTTAAAGAAG GAGAGAAACC GAAACGCAAA

166 : GTACCTGCCA AAGGGTCGAA GAAGGGTTGT ATGAAAGGTA AAGGAGGACC AGAGAATAGC
** ***** **** ** * **** ** ***** **** ** ***** **** **
163 : GTTCTGCCA AAGGGTCGAA GAAAGTTGT ATGAAGGTA AAGGAGGACC AGATAATTCT

226 : CGATCTAGTT TCAGAGGAGT TAGGCAAAGG ATTTGGGTA AATGGGTTGC TGAGATCAGA
* ***** * ***** **** ***** ***** **** **
223 : CACTGTAGTT TTAGAGGAGT TAGACAAAGG ATTTGGGTA AATGGGTTGC AGAGATTCSA

286 : GAGCCTAATC GAGGTAGCAG GCTTTGGCTT GGTACTTTCC CTACTGCTCA AGAAGCTGCT
** ** ** *** * ** ***** **** ** * **** ** * **** **
283 : GAACCGAAAA TAGGAAGTAG ACTTTGGCTT GGTACTTTTC CTACCGCGGA AAAAGCTGCT

346 : TCTGCTATG ATGAGGCTGC TAAAGCTATG TATGGTCCIT TGGCTCGTCT TAATTTCCCT
** ***** **** ** * **** ** **** * * ***** **** *****
343 : TCCGCTATG ATGAAGCGGC TACGCTATG TACGGTTCAT TGGCTCGTCT TAATTTCCCT

406 : CCGTCTGATG CGTCTGAGT TACGAGTACC TCAAGTCAGT CTGAGGTGTG TACTETTGA
* **** ** ***** * **** ***** ** ***** * ***** **** *****
403 : CAGTCTGTTG GGTCTGAGT TACTAGTACG TCTAGTCAAT CTGAGGTGTG TACGGTTGAA

466 : A----- ---CTCCTGG TTGTGTTTCT GTGAAACAG AGGATCCAGA TTGTGAATCT
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
463 : AATAAGCGCG TTGTTTGTGG TGATGTTTGT GTGAAGCATG AAGATACTGA TTGTGAATCT

514 : AAACCCCT--- CTCCT---GT GGA---GTGGA GCCGATGTAT TGT----- ---CTGGAGAA
** ** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *
523 : AATCCATTTA GTCAGATTTT AGATGTTAGA GAAGA-CTCT TGTGGAACCA GCGCGGACAG

558 : TGGTGGCG-A AGAGATGAAG AGAGGTGTT- AAAGC-CGAT AAGCATTGCG TGAGCGAGTT
* * *** ** ** *** * * * * * * * * * * * *

```

【図 4-2】

-0010181

```

582 : TTGCACGGTT GCACATCAAG ATATGAATTC TTCGCTGAAT TACGATTTCG TGTTAGAGTT

615 : TGAACATAAC TATTGGAGTG ATATTCTGAA AGAGAAAGAG AAACAGAAGG AGCAAGGGAT
    *** ** * ***** * * ** ** * ***** ***** ** ** *
642 : TGAGCAGCAG TATTGGGGCC AAGTTTTCGA GGAGAAAGAG AAACCAAGC AGGAA-GAAG

675 : TGTAGAAAC- CTGTCAGCAA CAACAGCAGG ATTGCTATC TGTTCAGAC TATGGTTGGC
    * *** ** ***** ** * ** * * ** * * ** * * **
701 : AGGAGATACA GCAACAGCAA CAGGAACAGC AACAGC-AAC AGCTGCA-AC -CGGATTTC

734 : CCAATGATGT GGATCAGAGT -CACTTGGG TTCTTCAGAC ATGTTTGATG TCGATGAG-C
    * ** * * ** * * ***** ** ** * ** * ** * **
758 : TTAATGTTGC AGATTACGGT TGGCCTTGG- -TCTAATGAT ATTGTAAAT- --GATCAGAC

791 : TTCTACGTGA CCTAA--ATG GCGACGATGT GTTTCAGGC TTAAATCAGG ACCGGTACCC
    ***** * ** * ** * ** * * * * *
813 : TTCTTGGGAT CCTAATGAGT GCTTTGATAT TAATGAACTC CT--TGGAG ATTGAA--

849 : GGGGAACAGT GTTGCCACG GTTCATACAG GCCCGAGAGT CAACAAAGTG GTTTGATCC
    ***** ** ** * * * ** * ** * * ** * **
867 : --TGAACCTG GTCCCATCA G--AGCCAA GACCAA---- -AACCACTA AAT--TCT

909 : GCTACAAAGC CTCAACTACG GAATACCTCC GTTTCAGCTC GAGCGAAAGC ATGGTAATGG
    * * * * * * ** * * ** * ** * ** * **
913 : GGT----- -AGTTATG ATTTGCATCC GCTTCATCTC GAGCCACAGC ATGGTCACG-

969 : ATTCTTCGAC GACTTGAGTT ACTTGGATCT GGAGAACTAA
    *** * * ***** *** ** * *
962 : --AGTTCAAT GGTTCAGTT ----CTCT GGATATTTGA
  
```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2A.nuc
Size            : 1008
Matching Position : 1 - 1008
  
```

```

Sequence 2      : DREB2C.nuc
Size            : 1026
Matching Position : 1 - 1026
  
```

Matching Condition.

```

Matches        : -1
Mismatches     : 1
Gaps           : 1
*NT*           : 2

Matching       : 55.22 [%]
Weight         : -8
  
```

```

1 : ATGGCAGTTT ATGATCAGAG TGGAGATAG- AAACAGAACA CAAATTGATA CATCGAGGAA
   ** ** **      ***** * **** * ** **      ***
1 : AT-GCCGT-- ----- CCGAGATTGT TGACAGGAA- -AAG-GAAG TCTCGTGGAA

60 : AAGGAAATCT AGAAGTAGAG GTGACGGTAC TACTGTGGCT GAGAGATTAA ACAGATGGAA
    * ** * * ** * ** * * ** * * ** * * **
44 : CACGAGATGT AGCTG-AGAT TCTAAGGCAA TGGAGAGAGT ---ACAATGA GCAGATTGAG

120 : AGAGTATAAC GAGACCGTAG AAGAAGTTTC TACCAAGAAG AGGAAAG-TA CCTGCCAAAG
    ** ** * * ** * * * ** * * ** ***** *** *
100 : GCAGAATCTT G-TATCGATG GTGGTG-GTC CAAATCAAT CCGAAAGCCT CCTCCAAAG
  
```

【図 4-3】

0010181

```

179 : GGTGAAGAA GGGTTGTATG AAAGGTAAAG GAGGACCAGA GAATAGCCGA TGTAGTTTCA
    * **** * * **** * **** * * **** * * *
158 : GTTCGAGGAA GGGTTGTATG AAAGGTAAAG GTGGACCTGA AAACGGGATT TGTACTATA

239 : GAGGAGTTAG GCAAAGGATT TGGGTAAAT GGGTTGCTGA GATCAGAGAG CCTAATCGAG
    **** * * **** * **** * * **** * * *
218 : GAGGAGTTAG ACAGAGGAGA TGGGTAAAT GGGTTGCTGA GATCCGTGAG CCAGACGGAG

299 : GTAGCAGGCT TTGGCTTGGT ACTTCCCTA CTGCTCAAGA AGCTGCTTCT GCTTATGATG
    * * * * * **** * * * * * * * * * *
278 : GTGCTAGGTT GTGGCTCGGT ACTTCTCCA GTTCATATGA AGCTGCATTG GCTTATGACG

359 : AGGCTGCTAA AGCTATGTAT GGTCCITTGG CTCGTCTTAA T-TTCCC-----TC
    **** * * * **** * * * * * * * * * *
338 : AGGCGGCCAA AGCTATATAT GGTCACTCTG CCAGACTCAA TCTTCCCGAG ATCACAATC

407 : GGTCTGATGC GTCTGAGG--TTACGAGTA CCTCAAG-TC AGTCTGAGGT GTGACTGTT
    * * * * * * * * * * * * * * * *
398 : GCTCTTCTTC GACTGCTGCC ACTGCCACTG TGTGAGGCTC GGT-TACTGC ATTTTCTGAT

463 : GAGACTCCTG GTTGTGTTCA TGTGAAAACA GAGG--ATC CAGATTGTGA ATCTAAACCC
    * * * * * * * * * * * * * * * *
457 : GAATCTGAAG TTTGTGCACG TGAGGATACA AATGCAAGTT CAGGTTTTC- GTC--AGGT

520 : TTCTCCGGTG CAGTGGAGCC GATG--TATT GTCTGGAGAA TGGTCCGAA GAGATGAAGA
    * * * * * * * * * * * * * * * *
513 : GAAACTAGAG GATTGTAG-C GATGAATATG TTCTCTTAGA TAGTCTCAG TGTATTAA-A

578 : GAGGTGTTAA AGCGGATAAG CATTGGCTGA GCGAGTTTGA ACATAACTAT TGGAGTGATA
    **** * * * * * * * * * * * * * *
571 : GAGGAGCTGA A-AGGAAAAG -AGGAAGTGA GGGA--AGA ACATAACT-T GGCTGTTGGT

638 : TTCTGAAAGA GAAAGAGAAA CAGAAGGAGC AAGGGATTGT AGAAACCTG- -TCAGCAACA
    * * * * * * * * * * * * * * * *
625 : TTTGGAAATG GACAG-GACT C-GAAAAGG- -GAGACTTT GGATGCTTGG TTGATGGGAA

696 : ACAGCAGGAT TCGCTATCTG TTGCAGACTA TGGT-TGGCC CAA-----TG ATGTGGATCA
    * * * * * * * * * * * * * * * *
680 : ATGCAATGA ACAAGAACCA TTG-GAGTT TGGTGTGGAT GAAACGTTTG ATATTAAT--

750 : GAGTCACTTG GATTCTTCA- -GACATCTTT GATGTGGATG AGCTTCTACG TGACCTAAAT
    *** * * * * * * * * * * * * * *
736 : GAGCTATTGG GTATATTAAG CGACAACAAT G-TGTC--TG --GTC-AAG AGAC--AAT

808 : GGCG-ACGAT GTGTTTGAG GCTTAAATCA GGACCGGTAC CCGGGGAACA GTGTTGCCAA
    * * * * * * * * * * * * * * * *
786 : GCAGTATCAA GTGATAGAC ACCCAAAT-- -TTCAGTTAC C--AAACG CAGTTTCCAA

867 : CGGTCATAC AGGCCCCAGA G-TCAACAA AGTGGTTTTG ATCCGCTACA AAGCCTCAAC
    *** * * * * * * * * * * * * * *
839 : --ATTCTAAC TTGCTCGGGA GCCTCAACCC TATGGAGAT- -TGCTCAACC AGGAGTTGAT

925 : TACGAATAC CTCCGTTTCA GCTC--GA- -GGGAAAGG ATGGTAATGG ATT-----
    * * * * * * * * * * * * * * * *
895 : TATGATGTC CTTATGTGCA GCCCAGTGAT ATGGAGAACT ATGGTATTGA TTTAGACCAT

972 : ----CTTCG ACGA-CTTGA GTT----AC TTGGATCT-- -GGAGA- ----
    *** * * * * * * * * * * * * * *
955 : CGCAGGTTCA ATGATCTTGA CATACAGGAC TTGGATTTTG GAGGAGACAA AGATGTTTCAT

```

```

1004 : -----AC-T AA
          ** * **
1015 : GGATCTACAT AA

```

0010181

++++

```
Sequence 1      : DREB2A.nuc
Size            : 1008
Matching Position : 1 ~ 1008
```

```
Sequence 2      : DREB2D.nuc
Size            : 621
Matching Position : 1 - 621
```

**Matching Condition.**

```
Matches      :      -1
Mismatches   :         1
Gaps         :         1
*H*         :         2

Matching     :      44.17 [%]
Weight       :      226
```

出証特 2 0 0 4 - 3 0 2 1 2 3 4

【図 4-5】

0010181

```

598 : CATTGGCTGA GCGAGTTTGA ACATAACTAT TGGAGTGATA TTCTGAAACA GAAAGAGAAA
    ** ** * **** * ***      * * ***      *** * ** ****
375 : CA--GC--A GCGACTCTGA -----GT CGCCGTC-- TTC--ATC CAACGAGA--

658 : CAGAAGGAGC AAGGGATTGT AGAAACCTGT CAGCAACAAC AGCAGGATTC GCTATCTGTT
    * * *      *** ** **      *** ** **** * ****
413 : --TGTCATC A-----TGT GGAAGAGTG- -----AC AG-AGGA-- GATATC--

718 : GCAGACTATG GTTGGCCCAA TGATGTGGAT CAGAGTCACT TGGATTCTTC AGACATGTTT
    *** ** ** * ** ** **** * * *      *
447 : ----- --ATG-GGAG CATATAAACG TGGATT-TGC CG-----GT

778 : GATGTCGATG AGCTTCTACG TGACCTAAAT GCGCAGCATG TGTTTGCAGG CTTAATCAG
    *** **** * ****      * * ** ** ** *      * * ** ***
477 : AATG--GATG A--TTCT-- --TCAATAT GG--GAAG -----AAG CTACAAT--

838 : GACCGGTACC CGGGGAACAG TGTTGCCAAC GGTTCATACA GGCCCGAGAG TCAACAAAGT
    ** **      ***      ** *** ***** * **      * * *
513 : -GTCGTTA-- --GGA-- --TTTCCATG GGTTCATCAA GG----- --AGATAAT

898 : GGTTTTGATC CGTACAAAG CCTCAACTAC GGAATACCTC CGTTTCAGCT CGAGGGAAAG
    * * ** ** * *      **** *      **** * *      *
550 : GATATTTCTC GGT----- --TGATACTTG TATTTCCGT -----G

958 : GATGGAATG GATTCTTCGA CGACTTGAG- TTACTTGGAT CTGGAGAACT AA
    * *      ***** * *** * ** *** **      * *
584 : GCT----- -ATTCT-- --AATTGGGA TTCCTTTCAT TCCCACCTT GA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2A.nuc
Size            : 1008
Matching Position : 1 - 1008

```

```

Sequence 2      : DREB2E.nuc
Size            : 735
Matching Position : 1 - 735

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*W+         : 2

Matching      : 49.90 [%]
Weight       : 128

```

```

1 : ATGGCAGTTT ATGATCAGAG TGGAGATAGA AACAGAACAC AAAT-----T GATACATCGA
    **** *      * ** ***      *** ** ***** * *      * * * ***
1 : ATGCAA--A AGGA--AGAT AACGGATCGA AACAGAGCTC CTCTGCTTCT GTTGTATCCT

56 : GGAAAAGGAA ATCTAGAAGT AGAGGTGACG GTACTACTGT GGCTGAGAGA TTAAGAGAT
    ** ***      *** *** ** * *      * ** ** * ** *** *****
56 : CGAGAAG-- --ACGAAGA AGA-GTG--G TTGAGCCAGT GGAAGCGACG TTACAGAGAT

116 : GGAAAGAGTA TAACGAGACC GTAGAAGAAG TTTCTACCAA GA-AGAGGAA AGTACCTGCC
    **      ***      ***** * * * * **      * *      * * **
107 : GG----- --GAG-- --GAAGAAG GAT-TGGCGA GAGCTCGTAG GGTTCAAGCC

175 : AAAGGGTCCA AGAAGGGTTG TATGAAAGGT AAAGGAGGAC CAGAGAATAG CCGATGTAGT

```

【図 4-6】

-0010181

```

148 : *****
      AAAGGTTCCA AGAAAGTTG TATGAGAGGA AAAGGTGGAC CAGAGAATCC TGTTTGTCGG
      *****

235 : TTCAGAGGAG TTAGGCAAAG GATTTGGGGT AAATGGGTTG CTGAGATCAG AGAGCCTAAT
      ** *****
208 : TTTAGAGGCT TTCGACAAAG GGTTTGGGGG AAATGGGTTG CTGAGATACG TGAACC-----

295 : CGAGGTAGCA GGCTTTGGCT TGGTACTTTC CCTACTGCTC AAGAAGCTGC TTCTGCTTAT
      ** **
264 : --AGTGAG-- --TCACCG TGGTGCAAAC TCTAGT-CGT AGTAAACGGC TTTGGCTTGG

355 : GATG-AGGCT GCTAAAGCTA TGTATGGTCC TTTGGCTCGT CTTAATTTCC CTCGGTCTGA
      * * **
315 : CACGTTTGCT ACTGCAGCT- --GAAGCTGC TTTGGCT- -----

414 : TCGCTCTGAG GTTACGAGTA CCTCAAGTCA GTCTGAGGTG TGTACTGTTG AGACTCCTGG
      * * * *
349 : TACGACAGA- GCTGCTAGT- -----GTCA -----TGTAC-----GGAC-CCT--

474 : TTGTGTTTAT GTGAAACAG AGGATCCAGA TTGTGAATCT AAACCCCTTCT CCGGTGGAGT
      ** *
383 : -----AT G-----CCAG--GT-----T AAA--TTTC CCGGAAGATT

534 : GGACCCGATG TATTGCTGCG AGAATGGTGC GGAAGAGATG AAGA-GAGGT GTTAAAGCGG
      * *
410 : TGGG-----TG--GG GGA-----GGAAGA-AGG ACGAGGAGGC GGAAGTTGC

593 : ATAAGC-ATT GGCTGAGCGA GTTTGAACAT AAC--TATT GGAGTGATAT TCTGAAAGAG
      * **
451 : GGAGGCTATT GGTG--GA AACT-AACAA AGCCGTAAT GCGGTGAT--TGAACGG

649 : AAAGAGAAAC AGAAGGAGCA AGGGATTGTA GAAACCTGTC AGCAACAACA GCAGGATTCTG
      * * *
503 : AAGGTGAAAG AGA-----CT A-----TCTA G-----TCTACAA--TGAAGAGC

709 : CTATCTGTTG CAGACTATGG TTGGCCCAAT GATGTGGATC AGAGTCACTT GGATTCTTCA
      ****
539 : CTAT-----TGAGC TTGGCC--AT GA-----C A-AG--ACTC AGAATCCT--

769 : GACATGTTTG ATGTGATGA GCTTCTACGT GACCTAAATG GCGACGATGT GTTTCAGGC
      ** **
574 : --ATGACTG AT--AATGA AAT--AGT GAAC-----CCA--GCAG--

829 : TTAAATCAGG ACCGGTACCC GGGGAACAGT GTTGCCAACG GTTCATACAG CCCCAGAGT
      * ****
605 : TGAATCAG--AGGAA--GGTTACAGC TATG-ATCG ATTCAAATTG G-----

889 : CAACAAAGTG GTTTTGATCC GCTACAAAGC CTCAACTACG GAATACCTCC GTTTCAGCTC
      * **
647 : --ATAACGGA TTGTG--TATAA--TGAACCTC--AAAGCTCC AGTT-ATCAC

949 : GAGGGAAGG ATGTAATGG ATTCTTCGAC GACTTGAGTT ACTTGGATCT GGAGAACTAA
      *****
691 : CAGGGA--G GTGG-ATTCG ATTC--AT ATTTTGAGTA TTTGAGAT--TCTAG

```

+++++

Sequence 1 : DREB2A.nuc  
 Size : 1008  
 Matching Position : 1 - 1008

【図 4-7】

0010181

Sequence 2 : DREB2F.nuc  
 Size : 834  
 Matching Position : 1 - 834

Matching Condition.

Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 \*Nt : 2

Matching : 48.48 [%]  
 Weight : 158

```

1 : ATGGCAGTTT ATGATCAGAG TGGAGATAGA AACAGAACAC AAATTGATAC ATCGAGCAAA
   ****                      ****                      ***
1 : ATGG-----AGAA-----ATC-----

61 : AGGAAATCTA GAAGTAGAGG TGACGGTACT ACTGTGGCTG AGAGATTAAA GAGATGCAAA
     ***                      ** * ** *** * ****
12 : -----ATC-----CTC A---ATGAAA CA-ATGAA-

121 : GAGTATAACG AGACCGTAGA AGAAGTTTCT ACCAAGAAGA GGAAGTACC TCGAAAGGG
      *** * ** ***
33 : -----GAAGGGTCC TGC-----

181 : TCGAAGAAGG GTGTATGAA AGGTAAAGGA GGACCAGAGA ATAGCCGATG TAGTTTCAGA
     ***          **** * ** * * * * *
45 : TCG-----GGGTAAAGGC GGTCCACAAA ACGCTCTTG TCAGTACCGT

241 : GGAGTTAGGC AAAGGATTG GGGTAAATGG GTTGCTGAGA TCAGAGAGCC TAA-TCAGG
     ***** ** ***** ** ***** ***** **
88 : GGAGTCAGGC AAAGGACTTG GGGCAATGG GTTGCTGAGA TCAGAGAGCC CAAGAAGAGG

300 : TAGC-AGGCT TTGGCTTGGT ACTTTCCTTA CTGCTCAAGA AGCTGCTTCT GCTTATGATG
     ** ** ** ***** ** * ** * ** * ** *****
148 : --CCAAGACT TTGGCTTGGC TCTTTCGCTA CAGCTGAAGA AGCAGCTATG GCTTATGATG

359 : AGGCTGC-T AAAGCTATGT ATGGTCCTTT GGCTCGTCTT AATTTCCTTC GGTCTGATGC
     ***** * ** * * **** * ** ** ** * ** *
206 : AGGCTGCCTT GAAAC-TCT ATGGGCACGA CGCATACCTC AACTTACCTC -ATCTTCAGC

417 : GTCTGAGTT ACGAGTACCT CAAGTCAGTC TGAGGTGTGT ACTGT-TGAG ACTCCTGGTT
     * * * ** ** **** ** ** **** ** * **
263 : G---GAAT ACAAG-ACCT ---TC--TC TGAG---TA ACTCTCAGAG GTTC--AAAT

476 : GTGTTCTGT GAAAACAGAG GATCCAGATT GTGAATCTAA ACCCTTCTCC GGTGGAGTC-
     * ** * * ** ** * ** * * **** ** ****
305 : GGGTACCT---TCA-AG GA---AGTTT AT---ATCTAT GTTTCCTTCA TGTGGTATGC

535 : GAGCCGATGT ATTGTCTGGA GAATGGTGGG GAAGAGATGA AGAGAGGTGT TAAAGCGGAT
     * ** ** ** ** * * * * * * ** ** * * *
353 : TAAACG-TGA ATGCTC---A GCCTAGTGT CACATAATCC AGCAAAGACT AGAAGAAGTC

595 : AAGCATTGGC TGAGCGAGTT TGAACATAA-CTATTGGAG T-GATATTCT GAAAGAGAAA
     *** * * ** ** * * * **** * * * *
409 : AAGAA-AAC TG---GACTT TTATCTCAAT CCTATTCTTC TAGTCTTCC TCCACCGAAT

652 : GAGAAAC-AG AAGGAGC--A AGGGAT-TGT AGA--AACCT GTCAGCAACA -ACAGCAGCA
     * **** * * ** * * * * * * * * *
464 : CAAAAACTAA TACTAGCTTT CTTGATGAGA AGACCAGCAA GGGAGAAACA GACAATATG-
  
```

【図 4-8】

-0010181

```

705 : TTCGCTATCT GTTG-CAG- ---ACTATG GTTGGCCCAA TGA-TGTGGA TC-AGAGTCA
      **** * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
523 : TTCG-AAGGT GGTGATCAGA AGAAACCAGA GATCGACC- TGACCGAGTT TCTTCAGCAA

756 : CTTGGATTCT TCAGACATG- -TTTGATGTC GA-----TG AGCT-TCTAC GTGACCTAAA
      * * * * * * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
580 : CTAGGAATCT TGAAGGATGA AAATGAAGCA GAACCAAGTG AGGTAGCAGA GTGTCATTCC

807 : TGGCGACGAT -GTGTTTGA GGCTTAAATC AGGACCGTA CCCGGGGAAC AGTG-TTGCC
      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
640 : CCTCCACCAT GGAACGAGCA AGAAGAAA-C TGA-AGTC CTTTCAGAAC TGAGAATTTC

865 : AACGGTTCAT A-CAGGCCCG AGAGTCAACA AAGTGTTTT GATCCGCTAC AAAGC-CTC
      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
697 : AGCTG-GGAT ACCCTGATCG AGATGCCAAG AAGTG----- AAACCACAAC TATGCAATTT

922 : AACTACGGAA TACCTCCGTT TCAGCT-CGA GGGAAAGGAT GGTAAATGGAT TCTTC-GA
      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
751 : GACTCCAGCA -ACTTCGG- -AAGCTATGA TTTTGAGGAT G---ATGTAT CCTTCCCTTC

978 : CGACTTGAGT TACT-TGGAT CTGGAGAACT AA
      * * * * *      * * * * *      * * * * *
804 : CATCTGGGAC TACTACGGAA GCTTAG-ATT GA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2A.nuc
Size            : 1008
Matching Position : 1 - 1008

```

```

Sequence 2      : DREB2G.nuc
Size            : 924
Matching Position : 1 - 924

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*NI*         : 2

Matching      : 47.08 [%]
Weight       : 149

```

```

1 : ATGGCAGTTT ATGATCAGAG TGGAGATAGA AACAGAACAC AAATTGATAC ATCCAGGAAA
   ****
1 : ATGG-----

61 : AGGAAATCTA GAAGTAGAGG TGACGGTACT ACTGTGGCTG AGAGATTAAG GAGATGGAAA
     * * * * *
5 : -----AA G-----AA

121 : GAGTATAACG AGACCGTAGA AGAAGTTTCT ACCAAGAAGA GCAAAGTACC TGCGAAAGGG
     * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
10 : GAGCA-----ACC-----TCCG GCCAAGAA-A CGAA-ACA TGGGGA-GA

181 : TCGAAGAAGG GTTGATGAA AGGTAAAGGA GGACCAGAGA ATAGCCGATG TAGTTTCAGA
     * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
46 : TCTAGAAAAG GTTGATGAA AGGTAAAGGA GGTCCAGAGA ACGCCACGTG TACTTCCGT

241 : GGAGTTAGGC AAAGGATTG GGGTAAATGG GTTGCTGAGA TCAGAGAGCC TAATCGAGT
     * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *

```



【図 4-9】

0010181

```
106 : GGAGTTAGGC AACGGACTTG GGGTAAATGG GTGGCTGAGA TCCGTGAGCC TAACCGTGGG
301 : AGCAGGCTTT CGCTTGGTAC TTTCCTACT GCTCAAGAAG CTGCTTCTGC TTATGATGAG
    * * * * *
166 : ACTCGTCTCT GGCTCGGCAC GTTTAATACC TCGGTCGAGG CCGCCATGGC TTACGATGAA
361 : GCTGCTAAAG CTATGTATGG TCCTTTGGCT CGTCTTAATT TCCCTCGGT- CTGATGCGTC
    ** ***** * ***** * ***** ** ** ** *** * *
226 : GCCGCTAAGA AACTCTATGG ACACGAGGCT AAACCTCA-- ---CTGGTG CACCCACAAC
420 : TGAGGTTACG AGTACCTCAA GTCAGTCTGA GGTGTGTACT GTTGAGACTC CTGGTGTGT
    ** ***** * * * * * ** * ** * * * *
281 : AACACAACA AGTA---GTA GTGA-ACAGA AACTTGTCTT TTTCTGGCCA CGGGTCGGGT
480 : TCATG----T GAAAACAGAG GATCCAGATT GTGAAT---C TAAACCT-- TCT---CCGG
    ** * * * * * ** *** * * * * * ** * * * * *
337 : TCTTGGGCTT ATAATAAGAA GCTCGATATG GTTCATGGGT TGGACCTTGG TCTCGGCCAG
528 : TGGAGTGGAG C-CGATG-TA TTGTCTGGAG A-ATGCTGCG GAAGAGATCA AGAGAGGTGT
    *** * * * * * *** * * * * * * * * * *
397 : GCAAGTTGTT CACGAGGTTT TTGCTCAGAG AGATCGAGTT TTCTACAAGA AGA-TGATGA
585 : TAAAGCGGAT AAGC-AT-TG GCTGAGCGAG TTTGAACATA ACTATTGGAG TGATATTCTG
    * * * * * * * * * * * * * * * *
456 : TCATAGTCAT AATCGATGTT CGTCTTCAAG -TGGTTCGAA TCT-TTGTG -GTTATTACC
643 : AAAGAGAAAG AGAAACAGAA GGAGCAAGGG ATTGTAGA-- ---AACCTG TCA--GCAAC
    ** * **** * * * * * ** * * * * * ** * * *
513 : TAA-ACAAAG TGATTCACAA -GATCAAGAG ACCGTTAATG CTACGACTAG TTATGCGGGT
695 : AACAGCAGGA TTCGCTAT-- ---CTGTTG CAGACTATGG TTGGCCCAAT GATGTGGATC
    * * * * * * * * * * *** * * * * *
571 : GAAGGCGGTT GTGGCTCTAC GTTAACGTTT TCGACCAATT TGAAACCAAA GAATTGATG
749 : AG--AGTCAC TTGGATTCTT CA--GA-- ---CATGT TTGATGT--- -CGATGAGCT
    ** * * * * * * * * * * * * * * *
631 : AGTCAGAATT ATGGATTATA CAATGGAGCT TGGTCTAGGT TTCTTGTGGG GCAAGAAAAG
792 : TCTACGTGAC CT-AAATGGC GACGATGTGT TTGCAGGCTT AAATCAGGAC CGGTACCCGG
    *** * * * * * * * * * * * * * * *
691 : AAGACGGAAC ATGACGTGTC ATCGTCGTGT GGATCGTCGG ACAACAAGGA GAGTATGTTG
851 : GGAAC-AG-T GTTGCCAACG GTTCATACA- GGCCCGAGAG TCAACAAAGT GGTTTTGATC
    * * * * * * * * * * * * * * *
751 : GTTCCTAGTT GCGGCGGAGA GAGGATGCAT AGGCCG-GAG TTGGAAGAGC GAACAGGATA
908 : CGCTACAAAG CCTCAACTAC GGAATACCTC CGTTTCAG-- -CTCGA-GG GAAAGGATGG
    ** * * * * * * * * * * * * * * *
810 : TTTGGAATG GATGATCTTT TGGAGATTGA TGATTAGGT TTGTTGATTG GCAAAAATGG
963 : -----T AATGGATTCT TCGACGACTT --GAGTTACT TGGATCTGGA GAACTAA
    *** * * * * * * * * * * * * * * *
870 : AGATTTCAG AATTGCTGTT GTGAAGAGTT TCAACATCCA TGGAATTG- GTTCTGA
```

+++++

Sequence 1 : DREB2A. nuc  
Size : 1008  
Matching Position : 1 - 1008

Sequence 2 : DREB2H. nuc

【図 4-10】

0010181

Size : 534  
Matching Position : 1 - 534

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*N+ : 2

Matching : 39.41 [%]  
Weight : 304

```

1 : ATG-GCAGTT TATGATCAGA GTGGAGATAG AAACAGAACA CAAATTGATA CATCGAGGAA
*** ** * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : ATGCCAGGAA AAGG-GAAGT CTCGTG-----GAACA CGAGATGTAG CTGAGATTCT

60 : AAGGAAATCT AGA-AGTAGA GGTGACGGTA CTAAGTGGC TGAGAGATTA AAGAGATGGA
***** ** * * * * * * * * * * * * * * *
51 : AAGGAAATGG AGAGAGTACA -ATGA-GCA -GACCGAGGC ----AGATTC TTG-CATCGA

119 : AAGAGTATAA CGAGACCGTA GAAGAAGTTT CTACCAAGAA GAGGAAAGTA CCTGCGAAAG
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
102 : TGGTG-----GTG GTTCAA-----AACCAATCC GA--AAGGCT CCTCCAAAG

179 : GGTGGAAGAA GGTTGTATG AAAGGTAAG GAGGACGAGA GAATAGCCGA TGTAGTTTCA
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
143 : GTTCGAGGAA GGTTGTATG AAAGGTAAG GTGGACCTGA AAATGGGATT TGTGACTATA

239 : GAGGAGTTAG GCAAAGGATT TGGGTAAAT GGTGCTGA GATCAGAGAG CCTAATCGAG
***** ** * * * * * * * * * * * * * *
203 : GAGGAGTTAG ACAGAGGACA TGGGTAAAT GGTGCTGA GATCCGTGAG CCAGGCCGAG

299 : GTAGCAGGCT TTGGCTTCT ACTTTCCCTA CTGCTCAAGA AGCTGCTTCT GCTTATGATG
** * * * * * * * * * * * * * * * * *
263 : GTGCTAAGTT ATGGCTCGGT ACTTTCTCTA GTTCATATGA AGCTGCATTG GCTTATGATG

359 : AGGCTGCTAA AGCTATGTAT GGTCTTTTGG CTCGTCTTAA TTTCCCTCGG TCTGATCGGT
***** * * * * * * * * * * * * * * *
323 : AGGCTTCCAA AGCTAT-----TTA-----CGG TC-----AGT

419 : CTGAGGTTAC GAGTACCTCA AGTCAGTCTG AGGTGTGTAC TGTGAGACT CCTGGTTGTG
*** * * * * * * * * * * * * * * *
350 : CTG-----CCG ACTCAATCT-----TCCAC TGCTGCCAC-----TGTG

479 : TTCAATGTAA AACAGAGGAT CCAGATTGTG AATCTAAACC CTTCTCCGT GGAGTGGAGC
* * * * * * * * * * * * * * *
384 : T-----CAGGCT C--GGTT-----AC-----

539 : CGATGTATTG TCTGGAGAAT GGTGCGGAAG AGATGAAGAG AGGTGTTAAA GCGGATAAGC
** *** * * * * * * * * *
398 : --TGCATTT TCT-----GATGAA-----

599 : ATTGCTGAG CGAGTTTGA CATAACTATT GGAGTGATAT TCTGAAAGAG AAAGAGAAAC
**** * * * * * * * * *
414 : ---TCTGA--AGTTG-----TGCACGTG A-----

659 : AGAAGGAGCA AGGATTGTA GAAACCTGTC AGCAACAACA GCAGGATTCC CTATCTGTTG
*** * * * *
434 : -----GGAT-----ACAAAT BCA-----

```

## 【図 4-11】

0010181

```

719 : CAGACTATGG TTGGCCCAAT GATGTGCATC AGAGTCACCT GGATTCTTCA GACATGTTTG
    *** * *** **      * * ** *** ** **      ****
447 : -AGA-TCTGG TT----- --TTGGTC AGA-TCTCT- ---AACTTC- -----

779 : ATGTCGATGA GCTTCTACGT GACCTAAATG GCGACGATGT GTTTCAGGCG TTAATCAGG
    ***      * * ** *****      **** **
477 : ---TCG--- ---CAT TTCCAAATG ----- --TTAAGTC---

839 : ACCGGTACCC GGGGAACAGT GTTGCCAACG GTTCATACAG GCGCGAGAGT CAACAAAGTG
    ***      * * ** * ***      **
500 : ----- --CAAT ---AAC- -TGCAT----- --TG

899 : GTTTTGATCC GCTACAAAGC CTCAACTACG GAATACCTCC GTTTCAGCTC GAGGGAAAGG
    ***      ***      **      ***
514 : GTT----- --AAG----- --TT----- --GGG-----

959 : ATGGTAATGG ATTCTTCGAC GACTTGAGTT ACTTGGATCT GGAGAACTAA
    * ***      ****
525 : ----- --GCGTT----- --ACTAG

```

+++++

Sequence 1 : DREB2B.nuc  
 Size : 993  
 Matching Position : 1 - 993

Sequence 2 : DREB2C.nuc  
 Size : 1026  
 Matching Position : 1 - 1026

Matching Condition.

Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 #Nt : 2  
 Matching : 54.32 [%]  
 Weight : 12

```

1 : ATGGCTGTAT ATGAACAAAC CGGAACCGAG CAGCCGAGA AAAGGAAATC TAGGGCTCGA
  ** ** **      *** * * * * * **
1 : AT-GCCGT- ----- CGG-AGATTG TTGAC-AGGA AAAGGAAGTC TCG---TGGA

61 : GCAGGTGGTT TAACGGTGGC TGATAGGCTA AAGAAGTGGG AAGAGTACAA CG---AGATT
  ** * * *      ** ** *** * * * * * **
43 : ACACGAGAT- ----GTAGC TGAGATTCTA AGGCAATGGA GAGAGTACAA TGAGCAGATT

118 : GTTGAAGCTT CGGCTGTAA AGAAGGAG- -AGAAACCGA AACGCAAGT TCCTGCCAAA
  * * ** * * * * * * * * * * * *
97 : GAGGCAGAAT CTTGTATCGA TGGTGGTGGT CCAAAATCAA TCCGAAAGCC TCCTCCAAA

175 : GGGTCGAAGA AAGCTTGTAT GAAGCGTAAA GGAGGACCAG ATAATTCTCA CTGTAGTTTT
  ** **** * * * * * * * * * * * *
157 : GGTTCGAGGA AGGCTTGTAT GAAAGGTAAA GGTGGACCTG AAAACGGGAT TTGTGACTAT

235 : AGAGGAGTTA GACAAAGCAT TTGGGGTAAA TGGGTTGCAG AGATTCCAGA ACCGAAAATA
  **** * * * * * * * * * * * *
217 : AGAGGAGTTA GACAGAGGAG ATGGGGTAAA TGGGTTGCTG AGATCCGTGA GCCAGACGGA

295 : GGAAGTAGAC TTTGGCTTGG TACTTTTCCT ACCGCGGAAA AAGCTGCTTC CGCTTATGAT

```

## 【図 4-12】

-0010181

```
277 : ** **** * **** ** ***** * * * * **** * ****
      GGTGCTAGGT TGTGGCTCGG TACTTTCTCC AGTTCATATG AAGCTGCATT GGCTTATGAC

355 : GAAGCGGCTA CCGCTATGTA CGGTTTCATT GCTCGTCTTA A-CTTCCC--TCA----
      ** **** * **** ** *** * ** * ** * **** **
337 : GAGGCGGCCA AAGCTATATA TGGTCAGTCT GCCAGACTCA ATCTTCCCGA GATCACAAT

405 : -----GTCTG-----TT GGGTCTG--- AGTTTACTAG TACGTCTAGT
      * *** * * *** * * **** *
397 : CGCTCTTCTT CCACTGCTGC CACTGCCACT GTGTCAGGCT CGGTTACTGC ATTTTCTGAT

439 : CAATCTGAGG TGTGTACGGT TGAATAAG GCGTTGTTT GTGGTGATGT TTGTGTGAAG
      **** * * ** * *** ** * ** ** *
457 : GAATCTGAAG TTTGTGCAGG TGAGGATACA AATGCAAGT CAGGTTTGG TCAGGTGAAA

499 : CATGAAGATA CTGATTGTGA ATCTAATCCA TT---TAG--TCAG---AT TTTAGA---
      * ** *** * *** ** * ** ** *** ** *
517 : CTAGAGGATT GTAGCGATGA ATATGTTCTC TTAGATAGT CTCAGTGTAT TAAAGAGGAG

546 : -TGTTA-GAG AAGA-GTCTT GTG---GAA CCAGGCCGGA CAGTTG-CA CGG---TTGGA
      * * ** **** * * * *** * * * **** **
577 : CTGAAGAGAA AAGAGGAAGT GAGGGAAGAA CATAACTTGG CTGTTGTTT TGAATTGGA

595 : CA---TCAA GATATGAAT CTTGCTGAA TTACGATTG CTGTTA---G AGTTTGAGC-
      ** ** * * * * *** ** * *** ** *
637 : CAGGACTCGA -AAGGAGGA CTT---TGGA TGCTTGTTG ATGGGAATG GCAATGAACA

647 : AGCAGTATTG GGGCCAAGT TTGCAGGAGA AAGAGAAAC GAAGCAGGA GAAGAGGAGA
      ** * **** * * * ** * ** * ** **
693 : AGAACCATTG GAG-TTTGT GTGGATGAAA CGTTTGATAT TAATGAGCTA -TTGGGTATA

707 : TACAGCAACA GCAACAGGAA CAG-CAACAG -CAA-CAGC TGCAACCGGA TTGCTTACT
      * * * *** ** * * *** ** *** ** *
751 : TTAAAGGACA ACAATGTCTC TGGTCAAGAG ACAATGCAGT ATCAAGTGA TAGAC-AC-

763 : GTTGCAGATT ACGGTTGGCC TTGGTCTAAT G-ATATTGTA AATGATCAGA CTT-CTTGG
      * ** * * * * * ** * * * *
808 : ---CCAAAT TCAGT--- ---ACCAAAC GCAGTTTCCA AAT-TCTAA CTGCTCGG

821 : ATCCTAATGA GTGCTTTGAT ATTAATGAAC TCCTGGAGA TTTGAATGAA CCTGGTCCCC
      * *** * * * ** *** * * * **** ***
856 : AGCCTCA--A CCCTATGGAG ATTGCTCAA--CCAGGAG- -TTG-ATTAT GGATGTCCTT

881 : ATCAGAGCCA AGACAAAAC CACGTA-AAT TCTGGTAGTT ATGATTGCA T--CCGCTC
      ** * ** ** *** * * * * **** *
908 : AT-GTGC- AGCCAGTGA TATGGAGAAT TATGGTATG ATTTAGACCA TCGCAGGTC

938 : ----ATCTG AGCCACAGGA --TGG--TCA CGAG--TTCA ATGTTTGAG TTCTCTGGA-
      **** * * *** ** *** * ** * *
964 : AATGATCTTG ACATACAGGA CTTGGATTTT GGAGGAGACA AAGAT---G TTC-ATGGAT

987 : -TATTGA
      ** *
1019 : CTACATAA
```

+++++

Sequence 1 : DREB2B.nuc  
Size : 993  
Matching Position : 1 - 993

【図 4-13】

0010181

Sequence 2 : DREB2D.nuc  
 Size : 621  
 Matching Position : 1 - 621

Matching Condition.

Matches	: -1
Mismatches	: 1
Gaps	: 1
#Nt	: 2
Matching	: 43.12 [%]
Weight	: 231

```

1 : ATGGCTGTAT ATGAACAAAC CGGAACCGAG CAGCCGAAGA AAAGGAAATC TAGGGCTCGA
   *** *      * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : ATGTC-----ATC C--ATAGAG C-----CA AAAGTAA-----

61 : GCAGGTGGTT TAACGGTGGC TGATAGGCTA AAGAGTGA AAGAGTACAA CGAGATTGTT
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
26 : -TGATGGTT -GGT-GC TAAT-----AAGAA-----ACAA CGA-ACCGTC

121 : GAAGCTTCGG CTGTTAAAGA AGGAGAGAAA CCGAAACGCA AAGTTCCTGC GAAAGGCTCG
     * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
61 : CAAGCT-----AGT-----TCG

181 : AAGAAAGGTT GTATGAAGGG TAAAGGAGGA CCAGATAATT CTCACGTAG TTTTAGAGGA
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
73 : AGGAAAGGTT GTATGAGAGG AAGAGGTGA CCCGATAACG CGTCTTGAC TTACAAAGGT

241 : GTTACACAAA GGATTGGGG TAAATGGGTT CCACAGATTC GAGAACGAA AATAGGAAT
     * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
133 : GTTACACAA GCATTGGGG CAATGGGTC GCTGAGATCC GCGAGCTAA CCGAGGAGCT

301 : AGACTTTGGC TTGGTACTTT TCCTACCGCG GAAAAGCTG CTTCGCTTA TGATGAAGCG
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
193 : CGTCTTTGGC TCGGTACCTT CGACACCTCC CGTGAAGCTG CCTTGGCTTA TGACTCCGCA

361 : GCTACCGCTA TGTACGGTTC ATTGGCTCGT CTAACTTCC CTCAGTCTGT TGGTCTGAG
     * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
253 : GCTCGTAAGC TCTATGGGCC TGAGGCTCAT CTCACCTCC CTGAGTC-CT TAAG--AAG

421 : TT-TACTAGT ACGTCTAGTC AATCTGAGGT GTGTACGGTT GAAAATAAGG CGGTTGTTG
    ** *** * * * * * * * * * * * * * * *
309 : TTACCCTAAA ACGGC-GTC -GTCTCCGGC GTCCGAGACT -ACACCAAG CAGCAACAC

480 : TGGTCATGTT TGTGTGAAGC ATGAAGATAC TGATTGTGAA TCTAATCCAT -TTAGTCAGA
    * ** * * * * * * * * * * * * * * *
364 : GGTGGAAA--AAGC A-GCAG--CGACTCTGAG TC--GCCGT GTTCATCCAA

539 : TTTAGATGT TAGAGAAGAG TCTTGTGGAA CCAGGCCGGA CAGTTGCAGG GTTGGACATC
     * * * * * * * * * * * * * * * *
408 : -CGAGATGT CA-----TCATGTGGAA -GAGTGA CAG--AG G-AGATATC

599 : AAGATATGAA TTCTTCGCTG AATTACGATT TGCTGTTAGA GTTTGAGCAG CAGTATTGGG
    * * * * * * * * * * * * * * * *
447 : ATGGCA-GCA T-----ATA AACGTGGATT TGCCGTAAT GGATG-----ATTCTT---

659 : GCCAAGTTTT GCAGGAGAAA GAGAAACCGA AGCAGGAAGA AGAGGAGATA CAGCAACAGC
     * * * * * * * * * * * * * * *
491 : -CAA--TAT G-----GGAAGA-----
  
```

【図 4-14】

0010181

```

719 : AACAGGAACA GCAACAGCAA CAGCTGCAAC CGGATTGGCT TACTGTTGCA GATTACGGTT
      **** ***
504 : -----AGCTACAA-----TGTCG---TTA-GGAT

779 : GGCCTTGGTC TAATGATATT GTAAATGATC AGACTTCTTG GGATCCTAAT GAGTGCCTTG
      ** *** * **** * * * * * * * * * * ****
524 : TTCCATGGGT TCATGA---A GGAGATAATG ATATTCTCG G-----TTTG

839 : ATATTAATGA ACTCCTTGGA GATTTGAATG AACCTGGTCC CCATCAGAGC CAAGACCAAA
      *** **** *** * *
566 : ATA-----CTTG---TATTT---CCGG-----

899 : ACCACGTAA TTCTGGTAGT TATGATTTC ATCCGCTTCA TCTCGAGCCA CACGATGGTC
      *** * * * * * * * * * * *
582 : -----TGCTAT TCTAATTGGG ATTCCTTCA T-TC-CC-----C

959 : ACGAGTTCAA TGGTTTGAGT TCTCTGGATA TTTGA
      ** *****
615 : AC-----TTTGA

```

+++++

Sequence 1 : DREB2B.nuc  
 Size : 993  
 Matching Position : 1 - 993

Sequence 2 : DREB2E.nuc  
 Size : 735  
 Matching Position : 1 - 735

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatch     : 1
Gaps         : 1
*Ht          : 2

Matching     : 49.22 [%]
Weight       : 140

```

```

1 : ATGG---CTG TATATGAACA AACCGGAACC GAGCAGCCGA AGAAAAGGAA ATCTAGGGCT
   **** * * * * * * * * * * * *
1 : ATGGAAGG AAGAT-AACG GATCGAAACA GAGC-TCCTC TGCTTCTG--TTGA-TCCT

58 : CGAGCAGGTG GTTTAACGGT GGCTGATAGG CTAAGAAGT GAAAAGAGTA CAACGAGATT
   **** * * * * * * * * * * *
56 : CGAG-AAGAC GAAGAAGAGT GGTGA---G C---CAGT GGA-----AGCGACGT

118 : GTTGAACCTT CGGCTGTTAA AGAAGGA---GAGAAACCGA AACGCAAAGT TCCTGCGAAA
   ** * * * * * * * * * * *
99 : ACAGA--CAT GGGAGG---A AGAAGGATTG GCGAGAGC--TCGTAGGT TCAAGCCAAA

175 : GGGTCGAAGA AAGGTTGTAT GAAGGGTAAA GGAGGACCAG ATAATTCTCA CTGTAGTTTT
   ** * * * * * * * * * * *
151 : GGTTCGAAGA AAGGTTGTAT GAGAGGAAAA GGTGGACCAG AGAATCCTGT TTGTCGGTTT

235 : AGAGGAGTTA GACAAAGGAT TTGGGGTAAA TGGGTTGCAG AGATTGAGAG ACC-----
   ***** * * * * * * * * * *
211 : AGAGGTGTTT GACAAAGGAT TTGGGGGAAA TGGGTTGCTG AGATACGTGA ACCAGTGAGT

288 : -----G AAAA---TAG --GAACTA--GACTTTGGC TTGGTACTTT TCCTACCGCG
      * *** * * * * * * * * * *

```

## 【図 4-15】

0010181

```

271 : CACCGTGGTG CAAACTCTAG TCGTAGTAAA CGGCTTTGGC TTGGCAGGTT TGCTACTGCA
331 : GAAAAAGCTG CTTCCGCTTA TGATGAAGCG GCTACCGCTA TGTACGGTTC ATTGGCTCGT
      * **** * * **** * * **** * * **** * * **** *
331 : GCTGAAGCTG CTTTGGCTTA CGACAGAGCT GCTAGTGTCA TGTACGGACC CTATGCCAGG
391 : CTAACTTCC CTCAGTCTGT TGGGTCTGAG TTTACTAGTA CGTCTAGTCA ATCTGAGGTG
      * * **** * * * **** * * * **** * * **** *
391 : TTAAATTTCC CGGAAGAT-T TGGGTGGGGG ----AAGGA ----AG-A A-----
451 : TGTACGGTTG AAAATAAGGC GGTTGTTTGT GGTGATGTTT GTGTGAAGCA TGAAGATACT
      * *** * **** * * * **** * * **** * * **** *
429 : -GGACG-----AGGAGGC GG-----AAAGTT-----CG GGAGGCTATT
511 : GATTGTGAAT CTAATCCATT TAGTCAGATT TTAGATGTTA GAGAAGATC TTGTGGAACC
      * *** * * **** * * * **** * * **** * * **** *
461 : GGTTC-GAAA CTAA-CA- AAGCCGG- TA-ATG- ----GCGTG AT-TGAAA-
571 : AGGCCGGACA GTTGCACGGT TGGACATCAA GA-TATGAAT TCTTCGCTGA ATTACGATTT
      **** * **** * * **** * **** * * **** *
500 : -CGGA- ----AGG TGGA-AAA GACTATGTAG TCTAC----A ATGAAGA-C
630 : GCTGTTAGAG TTTGAGCAGC AGTATTGGGG CCAAGTTTTC CAGGAGAAAG AGAAACCGAA
      *** **** * * **** * * * **** * * **** *
538 : GCT-----ATTGAGC---TT-GG CCA-----TG -ACAAGACTC AGAATCCTAT
690 : GCAGGAAGAA GAGCAGATAC AGCAACAGCA ACAGGAACAG CAACAGCAAC AGCTGCAACC
      * **** * * **** * **** * **** *
576 : G-----ACTGATAA TGAATAG- --TGAAC--CCAGCA--GTGAAATC
750 : GGATTGCTT ACTGTTGCAG ATTACGGTTG GCCTTGGTCT AATGATATTG TAAATGATCA
      ** * * **** * * **** *
612 : AGA-----GGAAG GTTACAG-----CT-----ATGATC-
810 : GACTTCTTGG GATCCTAATG AGTGCTTTGA TATTAATGAA CTCCTGGAG ATTTGAATGA
      *** * * * * * * * * * *
635 : -----GATTCAA- --TTGGA T-----AA CGGATTGTG -TATAATGA
870 : ACCTGGTCCC CATCAGAGCC AAGACCAAAA CCACGTAAT TCTGCTAGTT ATGATTTCGA
      **** * **** *
669 : ACCT-----CAAA-----GC-
930 : TCCGTTTCAT CTCGAGCCAC ACCATGGTCA CGAGTTCAAT GGTTCGAGTT CTCTGGATAT
      *** * * * * * * * * * *
679 : TCCAGTT-AT CACCAGGGA- --GGTGGATT CGA-TTC-AT ATTTGAGTA TTTCAGAT-T
990 : TTGA
      *
732 : CTAG

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2B.nuc
Size            : 993
Matching Position : 1 - 993

```

```

Sequence 2      : DREB2F.nuc
Size            : 834
Matching Position : 1 - 834

```

Matching Condition.

【図 4-16】

0010181

Matches	:	-1
Mismatches	:	1
Gaps	:	1
#Nt	:	2
Matching	:	48.46 [%]
Weight	:	138

```

1 : ATGGCTGTAT ATGAACAAAC CGGAACCGAG CAGCCGAAGA AAAGGAAATC TAGGCCTCGA
    ****                      *** **   ***   ***
1 : ATGG-----AGAA--TCATC-----CTC--

61 : GCAGGTGGTT TAACGGTGGC TGATAGGCTA AAGAAGTGA AAGAGTACAA CGAGATTGTT
    ****                      ****
18 : -----A ATGAA-----ACAA-----

121 : GAAGCTTCGG CTGTTAAAGA AGGAGAGAAA CCGAAACGCA AAGTTCCTGC GAAAGGGTCG
    ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** * * * * * * * * * *
28 : -----TG-----GA AG-----A AGGTCCTGC-----TCG

181 : AAGAAAGGTT GTATGAAGGG TAAAGGAGGA CCAGATAATT CTCAGTGTAG TTTTAGAGGA
    *** * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
48 : -----GGG TAAAGGCGGT CCAGAAAACG CTCTTTGTCA GTACCGTGA

241 : GTTAGACAAA GGATTGGGG TAAATGGGTT GCAGAGATTC GAGAACCGAA -AATAGGAAC
    ** ** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *
91 : GTCAGGCAAA GGACTGGGG CAAATGGGTG GCTGAGATCA GAGAGCCCAA GAAGAGG-GC

300 : TAGACTTTGG CTGGTACTT TTCCTACCGC GGAAGAAAGCT GCTTCGCTT ATGATGAAGC
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
150 : AAGACTTTGG CTGGCTCTT TCGCTACAGC TGAAGAAGCA GCTATGCTT ATGATGAGGC

360 : GGCTACCGCT ATGTACGGT CATTGGCTCG TCTTAAGTTC CCTCAGTCTG TTGGGTCTGA
    ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *
210 : TGCTTGAAA CTCTATGGG ACGACGCATA CCTCACTTA CCTCA-TCTT CAGCG-----

420 : GTTACTAGT ACGTCT--A GTCAATCT-- GAGGTGTGTA CGGTGAAAA TAAGGCGGTT
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
264 : GAATACAAGA CCTTCTCTGA GTAAGTCTCA GAGGTGAAA TGGGT-ACCT TCA--AGGAA

475 : GTTGTGGTG ATGTTTGTG GAAGCATGAA G-ATACTGAT TGTGAAT-CT AATCCATTTA
    **** * * * * * * * * * * * * * * * * *
321 : GTTTAT----ATCTATGTT CCTTCATGTG GTATGCTAAA CGTGAATGCT CAGCC---TA

533 : GTCAGATTTT AGATGTTAGA GAAGAGTCTT GTGGAAC-CA GG----CCGG ACAGTT---G
    ** ** * * * * * * * * * * * * * * * *
374 : GT---GTTC ACATAATCCA GCAAGACTA GAAGAACTCA AGAAACTGG ACTTTTATCT

585 : CACGGTGGGA CATCAAGATA TGAATTCTTC GCTGAATTAC GATTGCTGT TAGAGT--TT
    ** * * * * * * * * * * * * * * * *
430 : CAATCTATT CTTCAGTTC T--TCCTCC ACCGAATCAA AACTAATAC TAGCTTTGTT

643 : GAGCAGCAGT ATTGGGGCCA AGTTTTCAG GAGAAAGAGA AACCGAAGCA GGAAGAAGAG
    ** ** * * * * * * * * * * * * * * * *
487 : GATGAGAAG- ACCAG--CA AG-----G GAGAAACAGA CA-ATATGTT CGAAG--GTG

703 : GAGATACAGC AACAGCAACA G--GAACAG CAACAGCAAC AGCTGCAACC GGATTTGCTT
    * * * * * * * * * * * * * * * * *
533 : GTGAT-CAGA AGAAACCAGA GATCGACCTG ACCGAGTTTC TTCAGCAACT AGGAATCTTG
  
```



【図 4-17】

-0010181

```

760 : ACTGTTGCAG ATTACGGTTG GCCTTGGTCT AATGATATTG TAAATGATCA GACTTCTTGG
    * * * * *
592 : AAGGATGAAA ATGAAG---- --CAGAACCA AGTGAGGTAG CAGAGTGTCA TTCCCTCCCA

820 : GATCCTAATG AGTGCTTTGA TATTAATGAA CTCCTTGGAG ATTTG--AA TGAACCTGG-
    * * * * *
646 : CCATGGAACG AGCAAGAAGA AACT--GGAA GTCCTTTCAG AACTGAGAAT TTCAGCTGGG

876 : -TCCCC--AT C-AGA-GCCA AG-ACCAAAA CCACGTAAT TCTGGTAGTT ATGATTGCA
    * * * * *
704 : ATACCCTGAT CGAGATGCCA AGAAGTGAAA CCAC--AAC TATGCAA--T TTGA-CTCCA

930 : TCCGCTTC-- -ATCT-CGAG CCACACGATG --GT--CAC GAGTCAATG GTTTGAGTTC
    * * * * *
758 : GCAACTTCGG AAGCTATGAT TTTGAGGATG ATGTATCCTT CCCTTCCAT- CTGGGACTAC

981 : TCTGGA---- TA-TTTGA
    * * * * *
817 : TACGGAAGCT TAGATTGA
  
```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2B.nuc
Size            : 993
Matching Position : 1 - 993
  
```

```

Sequence 2      : DREB2G.nuc
Size            : 924
Matching Position : 1 - 924
  
```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*Ht          : 2

Matching      : 48.32 [%]
Weight       : 163
  
```

```

1 : ATGGCTGTAT ATGAACAAAC CGGAACCGAG CAGCCGAAGA AAAGGAAATC TAGGGCTCG-
    **** * * * * *
1 : ATGGAGAGAG AGCAAC-CTC CGG--CCAAG AAACGAAACA TGGGAGATC TAGAAAAGGT

60 : AGCAGGTGGT TTAACGGTGG --CTGATA-- GGCTAAAGAA -----GTGG AAAGAGTACA
    *** * * * *
58 : TGCATGAAAG GTAAAGCGG TCCAGAGAAC GCCACGTGTA CTTTCCGTGG AGTTAG-GCA

110 : ACGAGATTGT TGAAGCTTCG GCTGTTAAAG A-AGGAGAGA AACCGAAACG CAAAGTTCCT
    *** * * * *
117 : ACGGACTTGG GTTAAAT--G GGTGGCTGAG ATCCGTGAG- --CCTAACCG --TGGGACTC

169 : GCGAAAGGGT CGAAGAAAGG TTGTATGAAG GGTAAAGGAG GACCAGATAA TTCTCACTGT
    * * * * *
170 : GTCTCTGGCT CG--GCACGT TTAATACCTC GGT--CGAG GCCGCCATGG CTTACGATGA

229 : AG--TTTTAG AGGAGTTA-- GACAAAGGAT TTGGGGTAAA TGGGTTGCAG AGA-TTCGAG
    ** * * * *
225 : AGCCGCTAAG AAATCTATG GACACGAGGC TAACTCAAC TTGG-TGCAC CCACAACAAC

284 : AACCGAAAT AGGAAC TAGA CTTTGGCTTG GTACTTTTCC TACCGCGGAA AAAGCTGCTT
    *** * * * *
284 : AACACAAGT A-GTAGTAA CAGAAACTT- GTCTTTTCT GGCACGG-G TCGGGTCTT
  
```

## 【図 4-18】

0010181

```

344 : CCGCTTATCA TGAACGGCT ACCGCTATGT ACGGTTCAAT GGCTCG-TCT TAACTTCCT
      ***** * *** ** ** ** ***** ** * * ** * **
341 : GGGCTTATAA T-AAGAGCT -CGATAT- -GCTTCATG GGTGGACCT TGGTCTCGGC

403 : CAGTC-TGTT GGTCTGAGT TTAGTAGTAC GTCTAGTCAA TCTGAGGTGT GTACGGTTGA
      *** * ** * * ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** **
394 : CAGGCAAGTT GTTACGAGG TT-CTTGCTC AGAGAG---A TC-GAGTTTT CTAC--ARGA

462 : AAATAAGGCG GTTGTGTTGT GT-GATGTTT GT-GTGAAGC ATGAAGATAC -TGATTGTG
      * * **** * * * * **** ** * ** ** * * ** **
447 : AGATGATGAT CATAGTCATA ATCGATGTTG GTCCTCAAGT GGTTCGAATC TTTGTTGGTT

518 : A-ATCTAAT C-CATTTAGT CAGATTTTAG ATGTTAGAGA AGAGTCTTG- TGAACCCAGG
      * * **** * * * * ** ** **** * ** *
507 : ATTACCTAAA CAAAGTGATT CACA---AG AT-CAAGAGA CCGTAATGC TACGACTAGT

574 : CCGGACAGTT GCA-CGGTT GGACATCAAG ATATGAATTC TTCGCTGAAT T-----
      * * * * * * **** * ** * * * * **** **
562 : TATGGC-GGT GAAGCGGTG GTGGCTCTAC GT-TAACGTT TTCGACCAAT TTGAAACCAA

623 : ACGATTGCT G-----T TAGAGTTTGA GCAGCAGTAT TGGGGCCAAG TTT-TGCAGG
      * **** * * * * ** * ** **** * * * * * * **
620 : AGAATTGAT GAGTCAGAAAT TATGATTAT ACAATGGAGC TTGGTCTAGG TTTCTGTGG

674 : AGAAAGAGAA ACCEAAGCAG GAAGAAGAGG AGATACAGCA ACAGCAACAG GAACAGC-AA
      * **** * * * * * **** * ** * * * * * * *
680 : GGCAAGA-AA A-GAAGACC GAACATGAGC TG-----TCA TCGTCGTGTG GATCGTCGGA

733 : CAGCAACAGC TGCAACCGGA TTTGCTTACT GTTGACAGT ACGGTTGGCC TTGGTCTAAT
      ** *** * * * * ** ** * * ** ** * * ** *
732 : CAACAAGGAG AGTATGTTG- GTTCCTAGTT GCGGCGGAGA GAGGAT-GCA TAGGCC-

793 : GATATTGTAA ATGATCAGAC TTCTTGGGAT CCTAATGAGT GCTTTGATAT TAATGAATC
      * *** ** * * * * **** ** ** ** ** ** ** *
786 : GGAGTTGAAA -GAGCGAAC ---AGGAT -AT---- -TTGGAAT GGATGATCT-

853 : CTTGGAGATT TGAATGAACC TGGTCCCAT CAGAGCCAAG ACCAAAACCA CGTAAATTCT
      ***** ** ** * * * * **** * * *
828 : TTTGGAGATT -GATGATT AGGT-----T TGTG-ATT GGCAAAA-A TGGAGATT-

913 : GGTAGTTATG ATTTGCATCC GCTTCATCTC GAGCCACAGC ATGGTCACGA GTTCAATGGT
      * * * * * * * * * * * * * * *
875 : -TCAAG AATTG- -GTGTT GTG---AAG A-GTTCAA CATCCATGGA

973 : TTGAGTTCTC TGGATATTG A
      * **** **
914 : ATTGGTTC- -TG A

```

+++++

```

Sequence 1 : DREB2B.nuc
Size : 993
Matching Position : 1 - 993

```

```

Sequence 2 : DREB2H.nuc
Size : 534
Matching Position : 1 - 534

```

Matching Condition.

```

Matches : -1

```

【図 4-19】

0010181

Mismatches	:	1
Gaps	:	1
*Nt	:	2
Matching	:	39.24 [%]
Weight	:	295

```

1 : ATGGCTGTAT ATGAACAAAC CGGAACCGAG CAGCCGAAGA AAAGGAAATC TAGGGCTCGA
  * * * * *
1 : AT----- --GCCCAGGA AACGGAAGTC TCG---TGGA

61 : GCAGGTGGTT TAACGGTGGC TGATAGGCTA AAGAAGTGA AAGACTACAA CG---AGATT
  * * * * *
28 : ACACGAGAT- ----GTAGC TGAGATTCTA AGGAAATGGA GAGAGTACAA TGAGCAGACC

118 : GTTGAAGCTT C-GGC--TGT TAAAGAAGGA GAGAAACCGA AACGCAAAGT TCCTGCGAAA
  * * * * *
82 : GAGGCAGATT CTTCATCGA TGGTGGTGGT TCAAAACCAA TCGGAAAGGC TCCTCCAAAA

175 : GGGTCGAAGA AAGGTTGTAT GAAGGCTAAA GGAGGACCAG ATAATTCTCA CTGTAGTTTT
  * * * * *
142 : CGTTCGAGGA AGGTTGTAT GAAAGGTAAA GGTGGACCTG AAAATGGGAT TTGTGACTAT

235 : AGAGGAGTTA GACAAAGGAT TTGGGGTAAA TGGGTTGCAG AGATTCGAGA ACCGAAAATA
  * * * * *
202 : ACAGGAGTTA GACAGAGGAC ATGGGGTAAA TGGGTTGCTG AGATCCGTGA GCCAGGCCGA

295 : GGAAGTACAG TTTGGCTTGG TACTTTTCTT ACCCGCGAAA AAGCTGCTTC CGCTTATGAT
  * * * * *
262 : GGTGCTAAGT TATGGCTCGG TACTTTTCTT AGTTCATATG AAGCTGCATT GGCTTATGAT

355 : GAAGCGGCTA CCGCTATGTA CGGTTTATTG GCTCGTCTTA ACTTCCTCA GTCTGTTGGG
  * * * * *
322 : GAGGCTTCCA AAGCTATTTA CGG----- --TCA GTCTG----

415 : TCTGAGTTTA CTAGTACGTC TAGTCAATCT GAGGTGTGTA CGGTTGAAAA TAAGGCGGTT
  * * * * *
353 : ----- --CCC GACTCAATCT -----TC C-----

475 : GTTGTGGTG ATGTTGTGT GAAGCATGAA GATACTGATT GTGAATCTAA TCCATTAGT
  * * * * *
369 : ----- --ACTG-- --CT-- GCGACTGTGT

535 : CAGATTTTAG ATGTTAGAGA AGAGTCTTGT GGAACCAGGC CGGACAGTTG CACGTTGGA
  * * * * *
385 : CAG----- --G CTCGGTT--A

595 : CATCAAGATA TGAATCTTC GCTGAATTAC GATTTGCTGT TAGAGTTTGA GCAGCAGTAT
  * * * * *
397 : C----- --TGATTTCT GATGAAT-- --CTG-- --AAGTTTG--

655 : TGGGGCCAAG TTTTGCAGGA GAAAGAGAAA CCGAAGCAGG AAGAAGAGGA GATACAGCAA
  * * * * *
425 : ----- --TGCAGT GA----- --G GATACA--

715 : CAGCAACAGG AACAGCAACA GCAACAGCTG CAACCGGATT TGCTTACTGT TGCAGATTAC
  * * * * *
441 : ----- --AA--TG CAA--GAT-- --CT--

775 : GGTGGCCTT GGTCTAATGA TATTGTAAT GATCAGACTT CTTGGGATCC TAATGAGTGC

```

【図 4-20】

```

                                0010181
453 : **** ** ** -----TCAGA--T CT-----C TAA-----C
835 : TTTGATATTA ATGAATCCT TGGAGATTG AATGAACCTG GTCCCATCA GAGCCAAGAC
474 : TT-----CTC--GCATTT-----C
895 : CAAAACACG TAAATCTGG TAGTTATGAT TTGCATCCG TTCATCTCGA GCCACACGAT
486 : CAAAA-----TGTTAAG--TCCAATAAC TGCAT-----T
955 : GGTCACGAGT TCAATGGTT GAGTTCTCTG GATATTTGA
513 : GGTTA--AGT ---TGG--G GCGT-----TACTAG-

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2C.nuc
Size            : 1026
Matching Position : 1 - 1026

```

```

Sequence 2      : DREB2D.nuc
Size            : 621
Matching Position : 1 - 621

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*N+          : 2

Matching      : 43.40 [%]
Weight       : 252

```

```

1 : ATGCCGTCGG AGATTGTTGA CAGGAAAAGG AAGTCTCGTG GAACACGAGA TGTAAGCTGAG
*** * **
1 : ATGTCATC-- -----CA-----TAG-----

61 : ATTCTAAGGC AATGGAGAGA GTACAATGAG CAGATTGAGG CAGAATCTTG TATCGATGCT
** * * * * **
14 : ---AGCC A-----AAA GT--AATG-----ATGCTTGGT

121 : GGTGGTCCAA AATCAATCCG AAAGCCTCCT CCAA-AAGGT TCGAGGAAGG GTTGTATGAA
* * * * ** ** * * * * * * * * * *
37 : GCTAAT-AAG AAACAA--CG AA--CCGT CCAAGCTAGT TCGAGGAAG GTTGTATGAG

180 : AGGTAAAGGT GGACCTGAAA ACGGATTTG TGAATATAGA GGAGTTAGAC AGAGCAGATG
*** ** ** ** * * * * * * * * * *
90 : AGGAAAAGGT GGACCCGATA ACGGCTCTTG CACTTACAAA GGTGTTAGAC AAGCAGCTTG

240 : GGGTAAATGG GTTGCTGAGA TCCGTGAGCC AGACGGAGGT GCTAGGTTGT GGCTCGGTAC
*** ** ** ** * * * * * * * * * *
150 : GGGCAATGG GTCGTGAGA TCCGCGAGCC TAACCGAGCA GCTCGTCTT GGCTCGGTAC

300 : TTTCTCCAGT TCATATGAAG CTGCATTGGC TTATGACGAG GCGG--CCAA AGCTATATAT
*** ** ** * * * * * * * * * *
210 : CTTGACACC TCCGTGAAG CTGCCTTGGC TTATGACTCC GCAGCTCGTA AGCTATATG

358 : G-GTCAGTCT GCCAGACTCA ATCTTCCCGA GATCACAAAT GGCTCTTCTT CGACTGCTGC
* * * * * ** * * * * * * * * * *

```

0010181

270 : GCCTGAGGCT —CA—TCCTA ACCTGCCTGA G----- TCCTT AACAACTTAC  
417 : CACTGCCACT GTCTCAGGCT CGGTACTGC ATTTTCTGAT GAATCTGAAG TTTGTGCAGG  
\* \*\* \* \* \* \* \*  
313 : C-CTAAAACG GCGTC-GTCT C---CGGC ----- GTCC---

477 : TGAGGATACA AATGCAAGTT CAGGTTTTGG TCAGGTGAAA CTAGAGGATT GTAGCGATGA  
\*\* \*\*\*\* \* \* \* \* \*  
340 : -CAGACTACA ---CCAAG- CAG--CAAC ACCGGTGAA --AAAGCA- GCAGCGA-

537 : ATATGTTCTC TTAGATAGTT CTCAGTGTAT TAAAGAGGAG CTCGAAAGCAA AAGAGGAAGT  
\*\*\* \* \* \* \* \*  
384 : -----CTC TGAG---T CGCCGTG---T TCA----- -TCCAACGA- ----CATGT

597 : GAGGGAAGAA CATAACTTGG CTGTTGGTTT TGGAATTGGA CAGGACTCGA AAAGGGAGAC  
\*\*\* \* \* \* \* \*  
416 : -----CATCA-----TG TGGA-----GAGT-CA CAGAGGAGA-

657 : TTTGGATGCT TGGTTGATGG GAAATGGCAA TGAACAAGAA CCATTGGAGT TTGTTGTGCA  
\* \*\*\*\* \* \* \* \* \*  
443 : -----TATCATGG GA-----GCATATAAA C-----CTGGA

717 : TGAACGTTT GATATTAATG AGCTATTGGG TATATTAAC GACAACAATG TGTCTGGTCA  
\*\*\* \* \*\*\*\* \* \* \* \* \*  
468 : -----TTT GCCGGTAATG -----GATG ATTCT-TCA

777 : AGAGACAATG CAGTATCAAG TGGATAGACA CCCAAATTTC AGTTACCAAA CGCAGTTTCC  
\* \*\* \* \* \* \* \*  
493 : A-----TA-----TGGGAAGAAG CTACAATGTC -GTTA-----GGA-TTTCC

837 : AAATTCTAAC TTGCTCGGGA GCCTCAACCC TATGCAGATT GCTCAACCAG GAGTTGATTA  
\*\* \* \* \* \* \*  
528 : -ATGGGTTT ATG-AAGGA G-----A TAATGATATT TCTC-----GGTTTGATAC

897 : TGGATGTCCT TATGTGCAGC CCAGTGATAT GGAGAAGTAT GGTATTGATT TAGACCATCG  
\* \*\* \*\*\* \* \* \* \* \*  
570 : T-TG----TATTT---CCGGTG---GCTAT TCTA---ATT GGA-----

957 : CAGGTTCAAT GATCTTGACA TACAGGACTT GGATTTTGGG GGAGACAAAG ATGTTTCATGG  
\*\*\* \*\*\* \* \* \* \* \*  
600 : ---TTC---CTT-TCA TTCCCCACIT

1017 : ATCTACATAA  
\* \*  
619 : -----TGA

```

Sequence 1      : DREB2C.nuc
Size            : 1026
Matching Position : 1 - 1026

Sequence 2      : DREB2E.nuc
Size            : 735
Matching Position : 1 - 735

```

Matches	:	-1
Mismatches	:	1
Gaps	:	1
#N+	:	2

## 【図 4-22】

0010181

Matching : 47.50 [%]  
Weight : 184

1 : ATGCCCTCGG -ACATTGTTG ACAGGAAAAG GAAGTCTCGT GGAACACGAG ATGTAGCTGA  
\*\*\* \*\* \*\*\*\* \* \* \*\* \*\* \*\* \*\* \*\* \* \* \*\*\*\* \*  
1 : ATGGAAAAGG AAGATAACGG ATCGAAACAG -AG-CTCCT -CTGCTTCTG TTGTATCCTC

60 : GATTCTAAGG CAATGGAGAG AGTACAATGA GCAGATTGAG GCAGAATCTT GTATCGATGG  
\*\* \*\*\* \* \* \* \*\*\*\* \* \*\*\* \*\* \* \*\* \*\* \* \*\* \* \*\*\*\*  
57 : GA--GAAGA CGAAGAAGAG TG--GTTGA GCCAGTGGAA GC--GACGTT ACAGAGATG-

120 : TGGTGGTCCA A--AAT---- -CAATCCGAA AGCCTCCTCC AAAAGTTTCG AGGAAGGGTT  
\*\* \*\* \* \* \* \* \* \*\* \* \* \* \* \* \*\*\*\* \* \* \* \* \*  
108 : -GGAGGAAGA AGGATTGGCG AGAGCTCGTA GGGTTCAAGC CAAAGTTTCG AAGAAAGGTT

173 : GTATGAAAGG TAAAGGTGGA CCTGAAAACG GGATTGTGA CTATAGAGGA GTTAGACAGA  
\*\*\*\*\* \*\* \*\*\*\*\* \*\* \*\* \* \*\*\*\*\* \* \*\*\*\*\* \*\* \*  
167 : GTATGAGAGG AAAAGGTGGA CCAGAGAATC CTGTTTGTGCG GTTTAGAGGT GTTCGACAAA

233 : GGAGATGGCG TAAATGGGTT GCTGAGATCC GTGAGCCAGA CGGAGGTGCT AGGTTGTGGC  
\*\* \*\*\*\*\* \*\*\*\*\* \*\* \* \* \* \* \* \*\* \* \* \* \* \*  
227 : GGGTTTGGCG CAAATGGGTT GCTGAGATAC GTGAACCAG- -TGAGTCAC- -C

293 : TCGGTACTTT CTCCAGTTCA TATGAAGCTG CATTGGCTTA TGACGAGGCG GCCAAAGCTA  
\*\*\* \* \*\*\* \*\* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \*  
275 : GTGGTCAAAA CTCTAG-TCG TAGTAAACGG CTTTGGCTT- -G GC-----A

353 : TATATGGTCA GTCTGCCAGA CTCAATCTTC CCGAGATCAC AAATCGCTCT TCTTCGACTG  
\*  
317 : CGTTTGCT-- -ACTG-CAG- CTGAAGCTGC ----- -TTTGGCT-- -TACGACAG

413 : CTGCCACTGC CACTGTGTCA GGCTCGGTTA CTGCATTTTC TGATGAATCT GAAGTTTGTG  
\*\*\*\* \* \*\*\*\*\* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \*  
357 : ---AGTGC TA--GTGTCA TGTACGG-A C--CCTATGC ----CAGGT TAAATT---

473 : CACGTGAGGA TACAAATGCA AGTTCAGGTT TTGGTCAGGT GAAACTAGAC GATTGTAGCG  
\*  
399 : CCCG-CAAGA ----- -T TTG--GGT G--GGC GA--AG-G

533 : ATGAATATGT TCTCTTAGAT AGTTCTCAGT GTATTAAGA GGAGCTGAAA GGAAAAGAGG  
\* \*\*\* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \*  
424 : AAGAA----- -GGACGA GCAGGCG-----GA

593 : AAGTGAGGGA AGAACATAAC TTGGCTGTTG GTTTTGAAT TGGACAGGAC TCGAAAAGGG  
\*\*\*\* \*\*\*\* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \*  
444 : AAGTTCGGGA ----- -GGCTATTG G--TTGGAA- -----AC T---AACAA

653 : ACACTTTGA TGCTTGGTTG ATGGGAAATG GCAATGAACA AGAACCATTG GAGTTTGGTG  
\*\*  
477 : AGCCGGTAAT GCGTGATTG AAACGGAA-G G--TGGAA AGA--CTATG TAGTCT---

713 : TGGATGAAAC GTTTGATATT AATGAGCTAT TGGGTATATT AAACGACAC AATGTGTCTG  
\*\*\*\*\* \*\* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \*  
527 : ACAATGAA-- -GACGCT ATTGAGC-T TGCCCAT-- -GACAAG ACTCAGAATC

773 : GTCAAGA--G ACAATGCAGT ATCAAGTGA TAGACACCCA AATTTCAGTT ACCAAACGCA  
\*  
572 : CT-ATGACTG ATAATGAA- AT--AGTG-- -AACCCA GCAGT--GAA ATCAGAGGAA

## 【図 4-23】

-0010181

```

831 : GTTCCAAAT TCTAACTGC TCGGGAGCCT CAACCCTATG GAGATTGCTC AACCAGGAGT
    * * * * *   * * *   * * *   * *   * * * *   * * *   * *
619 : GGTTACA--- GCTA---TGA TCG-----ATT CAAATTGGAT AACGGATTGT

891 : TG-ATTATGG ATGTCCTTAT GTGCAGC-CC AGTGATATGG AGAACTATGG TATTGATTTA
    * * * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
659 : TGTATAATGA A---CCTCA- ---AAGCTCC AGT-TAT- --CACCAGGG AGGTGGATTG

949 : GACCATCGCA GGTTCATGA TCTTGACATA CAGGACTTGG ATTTTGGAGG AGACAAAGAT
    * * * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
706 : GA-----TTCA-TA TTTTGA---GT ATTT-----CAGAT

1009 : GTTCATGGAT CTACATAA
      * *   * *
731 : -----T C---TAG

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2C.nuc
Size            : 1026
Matching Position : 1 - 1026

```

```

Sequence 2      : DREB2F.nuc
Size            : 834
Matching Position : 1 - 834

```

## Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatch          : 1
Gaps              : 1
*NT              : 2

Matching          : 48.77 [%]
Weight           : 150

```

```

1 : ATGCCGTCGG AGATTGTTGA CAGGAAAAGG AAGTCTCGTG GAACACGAGA TGTAGCTGAG
    * * * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
1 : AT-----CG AGA-----AA---TC-----

61 : ATTCTAAGGC AATGGAGAGA GTACAATGAG CAGATTGAGG CAGAATCTTG TATCGATGGT
    * * *   * * * *   * * *   * * *   * * *   * *
12 : ATCCT---C AATGAA---ACAAT---GG AAGAA-----

121 : GGTGGTCCAA AATCAATCGG AAAGCCTCCT CCAAAAAGGT CGAGGAAGGG TTGTATGAAA
      * * *   * * *   * * *   * * *   * *
36 : -GGGT---CCTGCT C-----GG-----

181 : GGTAAAGGTG GACCTGAAAA CGGGATTGTG GACTATAGAG GAGTTAGACA GAGGAGATGG
    * * * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
49 : GGTAAAGGCG GTCCACAAAA CGCTCTTTGT CAGTACCGTG GAGTCAGGCA AAGGACTTGG

241 : GGTAAATGGG TTGCTGAGAT CCGTGAGCC-AGACGGAGG TGCTAGGTTG TGGCTCGGTA
    * * * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
109 : GGCAAATGGG TGGCTGAGAT CAGAGAGCCC AAGA-AGAGG -GCAAGACTT TGGCTTGGCT

299 : CTTTCTCCAG TTCATATGAA GCTGCATTGG CTTATGACGA GCGGCGCAAA GCTATATATG
    * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
167 : CTTTCGCTAC AGCTGAAGAA GCAGCTATGG CTTATGATGA GGCTGCCTTG AAACCTATG

359 : GTCAGTCTGC CAGACTCAAT CTTCCCGAGA TCACAAATCG CTCTTCTTC- GACTGCTGCC
    * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
227 : GGCACGACGC ATACCTCAA- CTTACC-----TCA-----TCTTCAGCG GAATAC-AAG

```

## 【図 4-24】

0010181

```

418 : ACTGCCACTG TGTCAAGCTC GGTACTGCA TTTTCTGATG AATCTGAAGT TTGTGCACGT
    ** * *** ** * *** * * * * * * * * *
273 : ACCTTCTCTG ACTAAGCTC AG-----A GGTCAAATG GGT---ACCT TCAAGGAAGT

478 : GAGGATACAA ATG-CAAGTT CAGGTTTGG TCAGGTGAAA CTAGAGGATT GT-AGCGATG
    *** ** ** * * *** * * * * * * * * *
323 : --TTATATCT ATGTTTCTT CA---TGTGG T-ATGCTAAA C--GTGAATG CTCAGCCTAG

536 : AATATGTTCT CTTAGATAGT TCTCAGTGA TTAAGAGGA GCTGAAAGGA AAGAGGAAG
    ***** * *** * *** * * * * * * * *
375 : ---TGTT- ---ACATAAT --CCAGCAA GACTAGAAGA ACTCAA--GA AACTGGACT

596 : TGAGGGAAGA ACATAACTTG GCTGTTGTT TTGGAATTGG ACAGGACTCG AAAAGGGAGA
    * * * * * * * * * * * * * * * * *
423 : T---TTATC TCAATCTAT TCTTCTAGT CT--TCCTCC AC--CGAATCA AAAACTAATA

656 : CTTTGGATGC TTGTTGATG GGA--AATGG CAATG---A ACA-AGAA-C CATTGGAGTT
    ** ** * * * * * * * * * * * * * *
476 : CT-----AGC TTTCTGATG AGAAGACCAG CAAGGGAGAA ACAGACAATA TGTTGGAAG

708 : TGGTG--TGG ATGAACGTT TGATATTAAT GAGCTATTGG GTATATTAAA CGACAACAAT
    ***** * * * * * * * * * * * * *
531 : TGGTGATCAG AAGAAACCAG AGATCGACCT GACC---GA GTTCTT--- CAGCAACTAG

766 : GTGTCTGGTC AAGA-GACAA T--GCAGTA TCAAGTGGAT AGACACCCAA ATTTCACTTA
    * * * * * * * * * * * * * * * *
584 : GAATCTTG-A AGGATGAAA TGAAGCAGAA CCAAGTG-- AGGTAGCAGA GTGTCA-TTC

822 : CCAAACGCG TTTCAAATT CTAAGTTGCT CGGAGCCTC AACCTATGG AGATTGCTCA
    ** ----- **** * *** * * * * * *
639 : CC-----CTCCACCAT GGAACGAGC- AAGAAG-- AACTGGAAG TCCTTTCAGA

882 : AC-CAGGAGT TGATTATGGA TGTCCTTAT- GTGCAGCC- -CAGTGATAT GGAGAACTAT
    ** * * * * * * * * * * * * * *
685 : ACTGAGAATT TCAGCTGGGA TACCCTGATC GAGATGCCAA GAAGTGA-AA CCACAACAT

937 : GGTA-TTGA- TTTAG-ACCA TCGCAGGTTT AATGATCTTG A-CATACAGG A--CTTGGAT
    * * * * * * * * * * * * * * * *
744 : GCAATTTGAC TCCAGCAACT TCGGAAG-C TATGATTTG AGGATGATGT ATCCTTCCCT

991 : TTTGGAGGAG ACAAAGATGT TCATGGATCT ACATAA
    * * * * * * * * * *
802 : TCCATCTGGG ACTACTACG- -GAAGCTTAG A-TTGA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2C.nuc
Size            : 1026
Matching Position : 1 - 1026

```

```

Sequence 2      : DREB2G.nuc
Size            : 924
Matching Position : 1 - 924

```

## Matching Condition.

```

Matches        : -1
Mismatched     : 1
Caps           : 1
*H+            : 2
Matching       : 48.42 [%]

```



## 【図 4-25】

0010181

Weight : 130

```

1 : ATGCCGTCGG AGATTCTTGA CAGCAAAAGG AAGTCTCGTG GAACACCAGA TGTAGCTGAG
  **          **** * ***          ***
1 : AT-----GGAA--G AAG-----AGC-----

61 : ATTCTAAGGC AATGGAGAGA GTACAATGAG CAGATTGAGG CAGAATCTTG TATCGATGGT
  * ** *** * *** ** **          ** ****
14 : AACCTCCGGC CA---AGA---AACGA---AA---CATGG---

121 : GGTGGTCCAA AATCAATCGG AAAGCCTCCT CCAAAGGTT CGAGGAAGGG TTGTATGAAA
  **          **** * * * * * * * * * *
41 : --GG-----AGAT CTAGAAAGG TTGCATGAAA

181 : GGTAAAGCTG GACCTGAAAA CGGGATTGTG GACTAT-AGA GGAGTTAGAC AGAGGAGATG
  **** * * * * * * * * * * * * * * * *
67 : GGTAAAGGCG GTCCAGAGAA CGCCACGTGT -ACTTTCCGT GGAGTTAGGC AACGGACTTG

240 : GGGTAAATGG GTTGCTGAGA TCCGTGAGCC AGACGGAGGT GCTAGGTTGT GGCTCGGTAC
  **** * * * * * * * * * * * * * * * *
126 : GGGTAAATGG GTTGCTGAGA TCCGTGAGCC TAACCGTGGG ACTGCTCTCT GGCTCGGCAC

300 : TTTCTCCAGT TCATATGAAG CTGCAATGGC TTATGACGAG GCGGCCAAAG CTATATATGG
  ** * * * * * * * * * * * * * * * *
186 : GTTAAATACC TCGGTGAGG CGGCCATGGC TTACGATGAA GCCGCTAAGA AACTCTATGG

360 : TCAGTCTGCC AGACTCAATC TTCCCGAGAT CACAAATCGC TCTTCTCGA CTGCTGCCAC
  ** * * * * * * * * * * * * * * * *
246 : ACACGAGGCT AAACCTCAA-C TTGGTGACCC CACAACAACA ACAACAAGTA GTAAGTGC-AAC

420 : TGCCACTGTG TCAGGCTC-G GTTACTGCAT TTTCTGATGA ATCTGAAGTT TGTGCACGTG
  * * * * * * * * * * * * * * * *
304 : AGAAACT-TG TCTTTTCTG GCCACGG---GTGCGGT--TCTTGGGCT TAT-AATAAG

479 : AGGATACAAA TGCAACTTCA GGTTTTGCTC AGGTGAAAC- TAGAGGATTG TAGCGATGAA
  * * * * * * * * * * * * * * * *
355 : AAGCTCGATA TG---GTTCA TGGGTGGAC CTTGGTCTCG GCCAGGCAAG T--TGTTAC

538 : TATGTTCT--CTTAGATAGT TCTCAGTGTG TTA---AAG AGGA-GCTGA AAGGAAAAGA
  * * * * * * * * * * * * * * * *
410 : GAGGTTCTTG CTCAGAGAGA TC-GAGTTT CTACAAGAAG ATGATGATCA TAGTCATAAT

591 : GGAAGTGAG- --GGAACAAC ATAACCTGGC TGTGCTTTT GGAATTGGAC A---GGACTC
  ** * * * * * * * * * * * * * * * *
469 : CGATGTTCTG CTTCAAGTGG TTCGAATCTT TGTGCTTAT -TACCTAAAC AAAGTGATTG

645 : GAAAAG---G GAGACTTTGG ATGCT-----TGTTGATG- --GGAATGGC AATGAACAAG
  ** * * * * * * * * * * * * * * * *
528 : ACAAGATCAA GAGACCGTTA ATGCTACGAC TAGTT-ATGG CCGTGAAGGC GGTGGTGGCT

695 : AACCATTGGA GTTT--GGTG TGGATGAAAC GTTTGATATT AATGAC---CTATTGGG
  * * * * * * * * * * * * * * * *
587 : CTACGTTAAC GTTTTCGACC AATTGAAAC CAAAGAATTT GATGAGTCAG AATTATGGAT

747 : TAT--ATTA AACGACAACA ATGTGTCT-- --GGTCAAG- --AGACAATG CAGTATCAAG
  *** * * * * * * * * * * * * * * *
647 : TATACAATGG AGCTTGGTCT AGGTTTCTTG TGGGGCAAGA AAAGAAGACG GAACATGACG

797 : TG-GATAGAC ACCCAAT-T TCAGTTACCA AACGCAGTTT CCAAATTCTA ACTTGCTCGG

```

【図 4 - 2 6】

0010181

```

707 : TGTATCGTC GTGTGCATCG TCGGACAACA AGGAGAGTAT GTTGGTTCCT AGTTGCGGCG

855 : GAGCCTCAAC CCTATGGAGA TTGCTCAACC AGGAGTT-GA TTATGGATGT CCTTATGTGC
    ***          ***   * * *   ***** * *   *   *   *** **
767 : GAG-----AGAGG ATGCATAGGC CGGAGTTGGA AGAGCGAACA GGATATTGG

914 : AGCCCACTGA ---TATGGAG AACTATGGTA TTGATTAGA CCATCGCAGG TTCAATGATC
    *   ***   *   ***** *   *   *   *   *   *   *   *   *** **
815 : AAATGGATGA TCTTTTGAG ATTGATGATT TAGGTTT-GT TGATTG-----GCAAAAATG

971 : TTGACATACA GGAATTGGAT TTTGGAGGAG ACAAAGATGT TCATGGA--T CTACATAA
    ** * ** ** ***** ** ** ***   * * *   ***** *   *
869 : GAGA-TTCA AGAATTGGTG TTGTAAGAG TTTCA-ACAT CCATGGAATT GGTTCGA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2C.nuc
Size            : 1026
Matching Position : 1 - 1026

```

```

Sequence 2      : DREB2H.nuc
Size            : 534
Matching Position : 1 - 534

```

Matching Condition.

```

Matches       : -1
Mismatches    : 1
Gaps          : 1
*nt          : 2

Matching      : 48.34 [%]
Weight       : 62

```

```

1 : ATGCCGTCGG AGATTGTTGA CAGGAAAAGG AAGTCTCGTG GAACACGAGA TGATGCTGAG
    ***** ** ***** ** ***** ** ***** ** ***** **
1 : ATGCC-----CAGGAAACGG AAGTCTCGTG GAACACGAGA TGATGCTGAG

61 : ATTCTAAGGC AATGGAGAGA GTACAATGAG CAGATTGAGG CAGAATCTTG TATCGATGGT
    ***** ** ***** ** ***** ** ***** ** ***** **
46 : ATTCTAAGGA AATGGAGAGA GTACAATGAG CAGACCGAGG CAGATTCTTG CATCGATGGT

121 : GGTGGTCCAA AATCAATCCG AAAGCCTCCT CAAAAGGTT CGAGGAAGGG TTGTATGAAA
    ***** ** ***** ** ***** ** ***** ** ***** **
106 : GGTGGTTCAA AACCAATCCG AAAGCCTCCT CAAAAGGTT CGAGGAAGGG TTGTATGAAA

181 : GGTAAAGGTG GACCTGAAAA CGGGATTGTG GACTATAGAG GAGTTAGACA GAGGAGATGG
    ***** ** ***** ** ***** ** ***** ** ***** **
166 : GGTAAAGGTG GACCTGAAAA TGGGATTGTG GACTATACAG GAGTTAGACA GAGGACATGG

241 : GGTAAATGGG TTGCTGAGAT CCGTGAGCCA GACGGAGGTG CTAGGTTGTG GCTCGGTACT
    ***** ** ***** ** ***** ** ***** ** ***** **
226 : GGTAAATGGG TTGCTGAGAT CCGTGAGCCA GCGCGAGGTG CTAAGTTATG GCTCGGTACT

301 : TTCTCCAGTT CATATGAAGC TGCATTGGCT TATGACGAGG CGGCCAAAGC TATATATGGT
    ***** ** ***** ** ***** ** ***** ** ***** **
286 : TTCTCTAGTT CATATGAAGC TGCATTGGCT TATGATGAGG CTTCCAAGC TATTTACGGT

361 : CAGTCTGCCA GACTCAATCT TCCCGAGATC ACAAATCGCT CTTCTTCGAC TGCTGCCACT
    ***** ** ***** ** ***** ** ***** ** ***** **
346 : CAGTCTGCCC GACTCAATCT TCC-----AC TG-----CT

```

## 【図 4-27】

-0010181

```

421 : GCCACTGTGT CAGGCTCGGT TACTGCATTT TCTGATGAAT CTGAAGTTTG TGCACGTGAG
*****
375 : GCCACTGTGT CAGGCTCGGT TACTGCATTT TCTGATGAAT CTGAAGTTTG TGCACGTGAG

481 : GATACAAATG CAAGTTCAGG TTTTGGTCAG GTGAAACTAG AGGATTGTAG CGATGAATAT
*****
435 : GATACAAATG CAAGATCTGG TTTTGGTC-----

541 : GTTCTCTTAG ATAGTCTCA GTGTATTAAA GAGGAGCTGA AAGGAAAAGA GGAAGTGAGG
** ***
463 : -----AGATCTC-----

601 : GAAGAACATA ACTTGGCTGT TGGTTTGGGA ATTGGACAGG ACTCGAAAAG GGAGACTTTG
** ***
470 : -----TA ACT-----

661 : GATGCTTGGT TGATGGGAAA TGGCAATCAA CAAGAACCAT TGGAGTTTGG TGTGGATGAA
475 : -----

721 : ACGTTTGATA TTAATGAGCT ATTGGGTATA TTAACGACA ACAATGTGTC TGGTCAAGAG
** *
475 : -----TC T-----

781 : ACAATGCAGT ATCAAGTGA TAGACACCCA AATTTCAGTT ACCAAACGCA GTTTCCAAAT
****
478 : -----CGCA -TTTCCAAA-

841 : TCTAACTGCG TCGGGAGCCT CAACCTATG GAGATTGCCT AACCAGGAGT TGATTATGGA
490 : -----

901 : TGTCTTATG TGCAGCCCG TGAATGGAG AACTATGGTA TTGATTAGA CCATCGCAGG
*** * ** *** * **** * * *** ** **
490 : -----ATG TTAAGTCCA-----AT AACT--GCA TTGGTTAAG-----

961 : TTCAATGATC TTGACATACA GCACTTGCAT TTTGGAGGAG ACAAGATGT TCATGGATCT
**** ** *
520 : -----TTGG-----GCCGT

1021 : ACATAA
** **
530 : AC-TAG

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2D.nuc
Size            : 621
Matching Position : 1 - 621

```

```

Sequence 2      : DREB2E.nuc
Size            : 735
Matching Position : 1 - 735

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches    : 1
Gaps         : 1
*H*          : 2

```

## 【図 4-28】

0010181

Matching : 49.93 [%]  
Weight : 81

```

1 : ATG-----TC ATC--CATAG AG-----CCAAA
   ***          *** * **
1 : ATGGAAGG AAGATAACGG ATCGAAACAG AGCTCCTCTG CTCTGTGTGT ATCCTCGAGA

21 : AG---TAA TGATGGTTG---GT---GCTA---AT---AAGAA---
   ** ** ***** ** * ** ** *****
61 : AGACGAAGAA GAGTGGTTGA GCCAGTGGAA GCGACGTTAC AGAGATGGGA GGAAGAAGGA

48 : -----AC AACGAACCGT CCAAGCTA--GTTCCAGGA AAGGTTGTAT GAGAGGAAAA
   * ** * ** ***** * ***** ** *****
121 : TTGGCGAGAG CTCGTAGGGT TCAAGCCAAA GGTTCGAAGA AAGGTTGTAT GAGAGGAAAA

97 : GGTGGACCGG ATAACGGGTC TTGCACTTAC AAAGGTGTTA GACAACGCAC TTGGGGCAAA
   ***** * ** * ** *** * * ***** ** *****
181 : GGTGGACCGG AGAATCTGT TTGTCGGTTT AGAGGTGTTT GACAAGGGT TTGGGGGAAA

157 : TGGGTCGCTG AGATCCCGGA GCC---T AACCGAGCAG C-----TCGT-----
   ***** ** ** ** * ** * ***** ** *
241 : TGGGTCGCTG AGATACGTGA ACCAGTGAGT CACCGTGGTG CAAACTCTAG TCGTAGTAAA

196 : ---CTTTGGC TCGGTACCTT CGACACCTCC CGTGAAGCTG CTTTGGCTTA TGAATCCGCA
   ***** * ** * ** * ** * ***** ** *****
301 : CGGCTTTGGC TTGGCAGGTT TGCTACTGCA GCTGAAGCTG CTTTGGCTTA CGACAGAGCT

253 : GTCGTAAGC TCTATGGGCC TGAGGCTCAT CTCAACCTCC CTGAGTCCTT AAGAAGTTAC
   *** ** * ** * ** * ** * * ** * ** *
361 : GCTAGTGTC TGTACGGACC CTATGCCAGG TTAATTTCC CGGAAGATT GGTGGGGGA

313 : CCTAAACGG CGTCTCTCC GCGGTCCAG ACTACACCAA GCAGCAACAC CGGTGAAAA
   ** * * ** * ** * * ** * ** *
421 : AGGAAGAAG--GACG---A GGAGGCGGAA AGTTCGGGAG GC---TAT TGTTG-GAA

373 : AGCAGCAGCG ACTCTGAGTC GCCGTG-TTC ATCC-AACG -AGATGTCAT CATGTGG-A
   * * ** * * ** * * ** * ** * * ** *
469 : ACTAACAAG CCGGTAA-T GCGGTGATTG AAACGGAAGG TGGAAAAGAC TATGTAETCT

427 : AGAGTGACAG AGGAGAT-A YCATGGGAGC AT-ATAA-AC GTGCA---T TTG-CCGGTA
   * * ** * * ** * * ** * ** * * ** *
527 : ACAATGA-AG ACGCTATTGA GCTTGG-CC ATGACAAGAC TCAGAATCCT ATGACTGATA

478 : ATGGA---T G-ATTCTCA ---ATATGGG AAGAA-GCTA CAATGTGCTT ACGATTCCA
   *** * * ** * ** * ** * * ** * ** *
584 : ATGAAATAGT GAACCCAGCA GTGAAATCAG AGGAAGGTTA CAGCTATGAT -CGATTCAAA

529 : TGGGTTTCATG AA-GGAG-A TAATGATATT TCTCGGTTTG ATACTTGTAT TTCCGGTGG-
   * ** * ** * * * ***** * ** * *
643 : TTGATAACG GATTGTTGTA TAATGA-ACC TCAAGCT-- CCAATTATCA CCAGGGAGGT

585 : CTATTCTAAT TGGGATTTCCT TTCATTCCCC ACTTTGA
   **** ** * *** ** *
700 : GGATTC-GAT TCATATTTTG AGTATTTTCA ATTCTAG

```

+++++

Sequence 1 : DREB2D.nuc  
Size : 621  
Matching Position : 1 - 621

【図 4-29】

0010181

Sequence 2 : DREB2F.nuc  
 Size : 834  
 Matching Position : 1 - 834

## Matching Condition.

Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 #Ht : 2  
 Matching : 46.13 [%]  
 Weight : 164

```

1 : ATGTCATCCA TAGAGCCAAA AGTAATGATG GTTGGTGCTA ATAAGAAACA ACGAACCGTC
   ***      ***  ** *      * * ** * * * * * *
1 : ATG-----GAG-AA A-----TCATCCTC A-ATGAACA A-----

61 : CAAGCTAGTT CGAGGAAAGG TTGTATGACA GGAAGAGGTC GACCCGATAA CGCGCTTTC
   * ** ** * * * * * ** * * * * *
28 : -----T GGAAGAAAGG TCCTGCTCGG GGTAAAGGCG GTCCACAAA CGCTCTTTGT

121 : ACTTACAAAG GTGTTAGACA ACGCACTTGG GGCAATGGG TCGCTGAGAT CCGGAGGCT
   *** * * ** ** * * * * * * * * * * * * * * * *
79 : CAGTACCGTG GAGTCAGGCA AAGGACTTGG GGCAATGGG TGGCTGAGAT CAGAGAGCCC

181 : AA-CCGAGGA GCTCGTCTTT GGTCTGGTAC CTTGACACC TCCCGTAAG CTGCGTTGGC
   ** **** ** * **** ** * **** ** * **** ** *
139 : AAGAAGAGG- GCAAGACTTT GGTCTGGCTC TTTCGCTACA GCTGAAGAAG CAGCATATGGC

240 : TTATGACTCC GCAGCTCGTA AGCTCTATGG GCCTGAGG-----CTCATCT
   ***** ** ** * * **** ** * ****
198 : TTATGATGAG GCTGCTTGA AACTCTATGG GCACGAGCA TACCTCAACT TACCTCATCT

285 : -----CAA-CCT CCCTGAGT- CCTTAAGAAG T-----TACCCTAAA-
   *** * * * **** * * * * * **** *
258 : TCAGCGGAAT ACAAGACCTT CTCTGAGTAA CTCTCAGAGG TTCAAATGGG TACCTTCAAG

319 : -----ACG CGCTCGTCTC C-----GG -----C GT-----CCC AGACT-----
   * * * ** ** * ** * ** * * *
318 : GAAGTTTATA TCTATGTTT CTTCATGTGG TATGCTAAAC GTGAATGCTC AGCCTAGTGT

346 : -ACACCAAG CAGC-AACAC CGGTGGAA- -AAAGC-----
   *** * **** ** * * * **
378 : TCACATAATC CAGCAAGAC TAGAAGAACT CAAGAAACT GCACCTTTAT CTCATCCTA

376 : -----AG-----CA GCG-----ACTCTGAGT GCGCGTGTTC AT-----C
   ** ** ** * * ** * * *
438 : TTCTTCTAGT TCTTCTCCA CCGAATCAAA AACTAATACT AGCTTTCTTG ATGAGAAGAC

405 : CAAC---GA GA---TGTC TCATG-TGGA AG-AGTGA- CAGAGG---AGATAT---
   ** * ** ** * ** * ** * ** *
498 : CAGCAAGGGA GAAACAGACA ATATGTTTGA AGGTGGTGAT CAGAAGAAAC CAGAGATCGA

446 : CATG-----GCAGC A-TA-----TAAACG-T GGATTG-----CC-
   * ** ** * ** * * * *
558 : CCTGACCGAG TTTCTTCAGE AACTAGGAAT CTTGAAGGAT GAAATGAAG CAGAACCAAG

474 : -GGTAATG GA-TGATT -CTTCAAT ATGG-----GAAGAAG CTACAATGTC
   **** ** * **** ** ** ***** ** **
618 : TGAGGTAGCA GAGTGTCAAT CCCCTCCACC ATGGAACGAG CAAGAAGAAA CTGGAA-GTC
  
```

【図 4-30】

0010181

```

516 : GTT----- --AGGATTC -CATGGGTT- -CATGAAGGA GAT----- AATGA-----
      **          ** *****      * * * * * ** * * * *
577 : CTTTCAGAAC TGACAATTTC AGCTGGGATA CCCTGATCGA GATGCCAAGA AGTGAAACCA

552 : -TATTTCTCG GTTTGATACT TGTATTTCCG GTGGCTATTC TAATTGGGAT -----TCCT
      * * * * * ***** * * * * * * * * * * * * * * * *
737 : CAACATGCA ATTTGACTCC AGCAACTTCG GAAGCTATGA TTTTGAGGAT GATGTATCCT

605 : TTCATTCC-- -----CCAC T----- --TTGA
      * * * * * * * * * *
797 : TCCCTTCAT CTGGGACTAC TACGGAAGCT TAGATTGA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2D.nuc
Size            : 621
Matching Position : 1 - 621

```

```

Sequence 2      : DREB2G.nuc
Size            : 924
Matching Position : 1 - 924

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*NT         : 2

Matching      : 45.04 [%]
Weight       : 190

```

```

1 : ATGTCATCCA TAGAGCCAAA AGTAATGATG GTTGGTGCTA ATAAGAAACA ACGAACCGTC
   ***          ** ** ** * * * * * * * * * *
1 : ATG----- --GA-AGAAG AGCAA----- --CCTCCGG CCAAGA--A ACGAAACAT-

61 : CAAGCTAGTT CGAGGAAAGG TTGTATGAGA GGAAGAGGTG GACCCGATAA CGCGTCTTGC
   * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
39 : --GGGAGAT CTAGAAAAGG TTGCATGAAA GGTAAAGGCG GTCCAGAGAA CGGCACGTGT

121 : ACTTACAAAG GTGTTAGACA ACGCACTTGG GGCATATGGG TCGCTGAGAT CCGCGAGCCT
   **** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
97 : ACTTTCCGTG GAGTTAGGCA ACGGACTTGG GGTAAATGGG TGGCTGAGAT CCGTGAGCCT

181 : AACCAGGAG CTGCTCTTTG GCTCGGTACC TTGCACACCT CCGGTGAAGC TGCCTTGGCT
   ***** ** ***** ** ** * * * * * * * * * *
157 : AACCGTGGGA CTGCTCTCTG GCTCGGCACG TTTAATACCT CGGTGAGGC CGGCATGGCT

241 : TATGACTCCG CAGCTCGTAA GCTCTATGGG CCTGAGGCTC ATCTCAAC-- --CTCCCT
   ** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
217 : TACGATGAAG CCGCTAAGAA ACTCTATGGA CACGAGGCTA AACTCAACTT GGTGCACCCA

295 : GA-----GTC CTTAAGAAGT --TACCCTAA AAC----- --GGC-- --GTCG--
   * * * * * * * * * * * * * * * *
277 : CAACAACAAC AACAAGTAGT AGTGAACAGA AACTTGTCTT TTTCTGGCCA CGGCTCGGGT

328 : TCTCCGGC-- -----G TC-----CCAG
   *** ** * * * * *
337 : TCTTGGGCTT ATAATAAGAA GCTCGATATG GTTCATGGGT TGGACCTTGG TCTCGGCCAG

343 : AC-----TA CACCAAG-- -----CAGCA ACACCG--G TGAAGAAAGC AGCAGCGACT

```

```

0010181
* * * * *
397 : GCAAGTGT TT CACGAGGT TC TTGCTCAGAG AGATCGAG TT TTCTACAAGA AGATGATGAT

386 : CTGAGTC---GCCG GTTC ATC-CAA---CGA---GAT-GTC ATCATGTGGA
* **** * ***** ** *** *** * * ** ** * *
457 : CATAGTCATA ATCGATGT TC GTCTTCAAGT GGTTCGAATC TTTGTTGGT ATTACCTAAA

427 : -AGAGTGA- CAGAGGA--- ---GA -TA-TCATGG -GA-
* ***** ** * ** ** ** * **** **
517 : CAAAGTGATT CACAAGATCA AGAGACCGTT AATGCTACGA CTAGTTATGG CGGTGAAGGC

453 : -----GC- -ATATAAAC GT----- ---GGATT GCCG-GT---
** * * *** ** * **** * * **
577 : GGTGGTGCT CTACGTTAAC GTTTTCGACC AATTTGAAAC CAAAGAATT GATGAGTCAG

477 : -----AATGG -----ATGATTCTT- ---CAATA TGGGAAGAAG
***** * * ***** *** * ***** *
637 : AATTATGGAT TATACAATGG AGCTTGCTCT AGGTTTCTTG TGGGGCAAGA AAAGAAGCG

506 : CTACA-----AT-GTC GTTAGGAT--- ---TTCC-
*** ** *** ** **** ****
697 : GAACATGACG TGTCATCCTC GTGTGGATCG TCGGACAACA AGGAGAGTAT GTTGGTTCTT

528 : -----ATGGGT TCAT-----GAAG -GA---G ATA-----
** * *** **** ** * **
757 : AGTTGCGCGG GAGAGAGGAT GCATAGCGCG GAGTTGGAAG AGCGAACAGG ATATTTGGA

548 : ---ATGATA TTTCTCGGT TCAT-ACTT- -GTATTTCCG GTGGCTA--- -TTC
***** *** * * **** * ** ** * * **** * ***
817 : ATGGATGATC TTTTGCAGAT TCATGATTTA GGTTTCTTGA TTGGCAAAAA TGGAGATTTC

591 : --TAATTGG- ---GATTC CTTCATTCC CCA-----CTTTGA
***** ** ***** *** * ***
877 : AGCAATTGCT GTTGTGAGA GTTTCAACAT CCATGGAATT GGTTCGTA

```

+++++

```
Sequence 2      : DREB2H.nuc
Size            : 534
Matching Position : 1 - 534
```

**Matching Condition.**

Matches	:	-1
Mismatches	:	1
Gaps	:	1
*N+	:	2
<hr/>		
Matching	:	47.49 [%]
Weight	:	113

```

1 :   ATG-----TCAT-----CCA---TAG-----AGCCA-----
    ***          ** *      * *      ***          ** *
1 :   ATGCCCAGGA AACGGAAGTC TCGTGGAACA CGAGATGTAG CTGAGATTCT AAGGAAATGG

19 :  ---AAAGT---A ATG-----ATGC TTGGTGCT-A ATAAGAAACA
    * *** * ***          * *      * *      * *      * *
61 :  AGAGAGTACA ATGAGCAGAC CGAGGCAGAT TCTTGCAATC ATGGTGGTGG TTCAAAGAACCA

```

## 【図 4-32】

0010181

```

51 : A--CGAA--CCGTCCAAG CTAGTTCGAG GAAAGGTTGT ATGAGAGGAA AAGGTGGACC
* **** * ***** ***** *** ***** **** * *****
121 : ATCCGAAAGG CTCCTCCAA- AACGTTCCGAG GAAGGGTTGT ATGAAAGGTA AAGGTGGACC

105 : CGATAACGCG TCTTGCACTT ACAAAGGTGT TAGACAACGC ACTTGGGGCA AATGGGTCCG
** ** * * ** * * ** * * ***** * ** ***** * ***** **
180 : TGAAATGGG ATTTGTGACT ATACAGGAGT TAGACAGAGG ACATGGGGTA AATGGGTTGC

165 : TGAGATCCGC GAGCCTAACC GAGGAGCTCG TCTTTGGCTC GGTACCTTCG ACACCTCCCG
***** ***** ** **** * * ***** ***** **** * **
240 : TGAGATCCGT GAGCCAGGCC GAGGTGCTAA GTTATGGCTC GGTACTTTCT CTAGTTCATA

225 : TGAAGCTGCC TTGGCTTATG ACTCCGCAGC TCGTAAGCTC TATGGGCCTG AGGCTCATCT
***** ***** * ** ***** ** ***** **
300 : TGAAGCTGCA TTGGCTTATG A----- ----- -----TG AGGCT--TC-

285 : CAACCTCCCT GAGTCCTTAA GAAGTTACCC TAAACGGCG TCGTCTCCG CGTCCCAGAC
*** ----- ** ** * ** ***** ** * * ** ***
330 : CAA-----AG-CT--ATT-----ACGG--TCAGT C-TGCCCGAC

345 : TACACCAAGC AGCAACACCG GTGGAAAAAG CAGCAGCGAC TCTGAGTCGC CGTGTTTCATC
* *** * * ** * ** * ** * ** * **
359 : T--CAATC TTC-CA-----CTGCTGCCAC TGTGTCAGGC TCGETT----

405 : CAACGAGATG TCATCATGTG GAAGAGTGAC AGAGGAGATA TCATGGGAGC ATATAAACGT
** ** *** * * ** * * ** * ** * ** * **
396 : --AC--TG-CATTTTCT- GATGAAT--C TGAAGTTTGT GCACGTGAGG ATACAAA--

465 : GGATTTGCCG GTAATGGATG ATTCTTCAAT ATGGGAAGAA GCTACAATGT CGTTAGGATT
*** * *** * ** *** * ** * * * *
443 : -----TGCAA GATCTGGTT--TTGGTCA-----GA TCTCTAATT C--TCGCATT

525 : TCCATGGGTT CATGAAGGAG ATAATGATAT TTCTCGGTTT GATACTTGTA TTTCCGGTGG
*** ----- * **** ** ** *** ** * *
484 : TCC-----AAAATGTTA-----AGTCC AATAACTGCA T-----TGG

585 : CTATTCTAAT TGGGATTCCT TTCATTCCCC ACTTTGA
** * * **** * ** ** *
515 : TTA---AGT TGGG-----GCGTT----AC--TAG

```

+++++

```

Sequence 1 : DREB2E.nuc
Size : 735
Matching Position : 1 - 735

```

```

Sequence 2 : DREB2F.nuc
Size : 834
Matching Position : 1 - 834

```

## Matching Condition.

```

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
*H+ : 2

Matching : 48.77 [%]
Weight : 145

```



【図 4-33】

-0010181

```

1 : ATGGA-AAAG GAAGAT-AAC GGATC---GA AACAGAGCTC CTCTGCTTCT GTTGATCC-
**** * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : ATGGAGAAAT CATCTCAAT GAAACAATGG AGAAGGGTC --CTGCTCGG GGTAAAGGCG

55 : -TCGAGAAGA CG----- AAGAAGAGTG G-TTGAGCCA GTGGA----- AGCGA---CG
* * * * * * * * * * * * * * * *
59 : GTCCACAAA CGCTCTTGT CAGTACCGTG GAGTCAGCCA AAGGACTTGG GGCAATGGG

97 : TTACAGAGAT ---GGGAG--G AAGAAGGATT GCGAGAGCT CG---TAGGCT -TCAAGCCAA
* * * * * * * * * * * * * * * *
119 : TGGCTGAGAT CAGAGAGCCC AAGAAG--AG GGCAAGACTT TGGCTTGGCT CTTTCGTAC

150 : AGGTCCGAAG AA---AGGT-T G---TATGA- GAG----- -GAAA---A GGTG---GAC
* * * * * * * * * * * * * * * *
177 : AGCT--GAAG AAGCAGCTAT GGCTTATGAT GAGGCTGCCT TGAACCTCTA TGGGCACGAC

188 : -CAGA---GA A-----TCC TGTTCGTCGG TTTAGAGG-- --TGTTCCGAC AAAGGCTTGG
* * * * * * * * * * * * * * * *
235 : GCATACCTCA ACTTACCTCA TCTTCAGCGG AATACAAGAC CTTCTCTGAG TAACCTCAG

234 : GGG---GAAAT GGGTTGC-TG AGATACGTGA ACCACTGAGT CACCGTGGTG -CAAACCTCTA
* * * * * * * * * * * * * * * *
295 : AGGTTCAAAT GGGTACCTTC AAGGAAGTTT ATATCTATGT TTCCTTCATG TGGTATGCTA

290 : GTCGT-ACTA AACGGCTTTG GCTTGGCAGG TT--TGC--- TACT-CCAG- -CTGAAG---
* * * * * * * * * * * * * * * *
355 : AACGTGAATG CTCAGCCTAG TGTTACATA ATCCAGCAAA GACTAGAAGA ACTCAAGAAA

338 : -CTG---CTT TGGCTTACGA CAGAGCTGCT AGTCTCATGT ACCGACCCTA TGCCAGGTTA
* * * * * * * * * * * * * * * *
415 : ACTGGACTTT TATCTCAATC CTATTCTTCT AGT-TCCTCC TC-CACCGAA TCAAAACTA

394 : AATTTCCCGG AAGATTTGGG TGGGCGA--A GGAAGAAGGA CGAGGAGGCG GAAAGTTCGG
* * * * * * * * * * * * * * * *
473 : A---TACTAG CTTTCTTGAT GAGAAGACCA GCAAG--GGA GAAACAGACA ATATGTTC--

452 : GAGGCTATTG GTTGAAACT AACAAAGCCG GTAATG-GCG TGATTGAAAC GGAAGGTGGA
* * * * * * * * * * * * * * * *
526 : GAAGGTGAGT ATCAGAAGAA ACCAGAGATC GACCTGACCG AGTTTCTTCA GCAACTAGGA

511 : AAAGACTATG TAGTCT-ACA ATGA---AGA CGCTATTGAG CTTGGCCA-T GACAAGACTC
* * * * * * * * * * * * * * * *
586 : A---TCT-TG AAGGATGAAA ATGAAGCAGA ACCAAGTGAG GTAGCAGAGT GTCATTCCCC

566 : AGAATCCTAT GACTGATAAT GAA-ATAGT- GAA--CC--- CAGCAGTGA- AATCAGAGGA
* * * * * * * * * * * * * * * *
642 : TCCA-CCATG GAACGAGCAA GAAGAACTG GAAGTCCTTT CAGAACTGAG AATTTCAGCT

618 : AGGTTACAGC TATGATC--G ATTCAAATTG GATAACGGAT TGTGTATAA TGAACCTCAA
* * * * * * * * * * * * * * * *
701 : GGGATA---C CCTGATCGAG ATGCCAAGAA GTGAAACCAC AACTATGCAA TTTGACTCCA

676 : --AGTCC-- -AGTTATCA- --CCAGGGAG GTGGA---TT CGATTCTAT TTTGAGTATT
* * * * * * * * * * * * * * * *
758 : GCAACTTCGG AAGCTATGAT TTTGAGGATG ATGTATCCTT CCCTTCCATC TGGGACTACT

725 : TCAGATTG-T AG-----
* * * * *
818 : ACGCAAGCTT AGATTGA

```

## 【図 4-34】

0010181

+++++

Sequence 1 : DREB2E.nuc  
Size : 735  
Matching Position : 1 - 735

Sequence 2 : DREB2G.nuc  
Size : 924  
Matching Position : 1 - 924

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*Nt : 2  
  
Matching : 45.74 [%]  
Weight : 200

```

1 : ATGCAAAAGG A-----A GATAACGGAT CGAAACA---GAGCTC---CTCTGC
***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : ATGGAAGAAG AGCAACCTCC GGCCAAGAAA CGAAACATGG GGAGATCTAG AAAAGGTTGC

42 : TTCTGTTGTA -----TCC TCGAGAAGAC GAAGAAGA--GTGG-T TGAGCCAGTG
* *** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
61 : ATGAAAGGTA AAGGCGGTCC -AGAGAACGC CACGTGTACT TTCCGTGGAG TTAGGCAACG

88 : GAAGCGACGT TA-----CAGAGAT--G GGAG--GAA--GAAGGA-TT GCGAGAGCT
** * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
120 : GACTTGGGGT AAATGGGTGG CTGAGATCCG TGAGCCTAAC CGTGGGACTC GTCTCTGGCT

133 : CGTAGGGTTC AA-----GC CAAAGGTT-C GAAGAA-----AGGTT
** *** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
180 : CGGCACGTTT AATACCTCGG TCGAGGCCCG CATGGCTTAC GATGAAGCCG CTAAGAAACT

167 : GTATG---A GAGG-AAA-----AGGT GGACC---A GAGAATC-C TGTTGTGCG-
**** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
240 : CTATCGACAC GAGGCTAAAC TCAACTTGGT GCACCCACAA CAACAACAAC AAGTAGTAGT

207 : GTTTAGA---GGTGT---CGACAAAGG GT-----T TGGG--GGAA ATGGGTTGCT
* *** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
300 : GAACAGAAAC TTGTCTTTT CTGCCACCG GTGGGTTCT TGGGTTATA ATAAGAAGCT

250 : GAGATACGTG AACCACTGAG TCACCGTGGT ---GCAAACT CTAGTCGTAG TAAACGGCTT
**** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
360 : -CGATATG-G TTCATGGGTT GGACCTTGGT CTCGCCAGG CAAGTTGT-T CACGAGGTTT

307 : TGGCTTGG--CACGTT TGCTAC-TGC AGCTGAAGCT GCTTTGGCTT ACGACAGAGC
* *** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
417 : TTGCTCAGAG AGATCGAGTT TTCTACAAGA AGATGATGAT -CATAGTCAT A---ATCGA

360 : TGCTAGT-GT CA--TGTACC GACCCTATGC CAGGTTAAAT TTCCCGGAAG ATTTGGGTGG
** * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
472 : TGTTCGTCTT CAAGTGGTTC GAATCTTTG- TTGTT--AT TACCTAAACA AAGTGATTCA

417 : GGGAAAGGAAG AAGCAG--AGGAGGCCGA AAGTTCGGGA GCCTATTG-G TTGGAAACT-
* *** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
529 : CAAGATCAAG -AGACCCTTA ATGCTACGAC TAGTTATGCC GGTGAAGCGG GTGGTGGCTC

472 : AACAAAGCCG GTAATGGCGT GATTGAAACG GAAG--GTGG AAAAG-----ACTATGTAGT
** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
588 : TACGTTAAGC TTTTCGACCA ATTTGAAACC AAAGAATTG ATGAGTCAGA ATTATGGATT

```

## 【図 4-35】

0010181

```

525 : CTACAATGAA G---ACGCTA ---TTGAGCT TGGCCATGAC AAGA-----
      ***** * *   ***   **   *   ** **   ****
648 : ATACAATGGA GCTTGGTCTA GGTTCCTGT GGGGCAAGAA AAGAAGACGG AACATGACGT

563 : CTCA-----GAATCCT ATGACTGATA ATGA-AATA- GT-GAACCC AG-----
      ***   *   *** *   *** *   *   *   *   *   *   *   *
708 : GTCATCGTCG TGTGGATCGT CGGAC-AACA AGGAGAGTAT GTTGGTTCCT AGTTGCGGCG

602 : --CAGTGAAA TCAGAGGAAG --GTT--AC AGC---TATG ATCGATTCAA A-----
      ** *   *   ** *   *   *** *   *** *   *   *   *   *
767 : GAGAGAGGAT GCATAGGCCG GAGTTGGAAG AGCGAACAGG ATATTGGAA ATGGATGATC

643 : --TTGGATAA CG--GATTGT TGTATAATGA ACCTCAAAGC TCCAGTTATC ACCA--GGGA
      ***** *   ****   ** *   ***   ****   *   ** *   *   *   *
827 : TTTTGAGAT TGATGATTTA GGTTCCTTGA TTGGCAAAA TGGAGATTTC AAGAATTGGT

697 : GGTG-GATTC GATTCATATT TTGAGTATTT CAGATTCTAG
      *   **   *   ****   *   *   **   *   ****
887 : GTTGTGAAGA GTTCAACAT CCATGGAATT --GGTCTGA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2E.nuc
Size            : 735
Matching Position : 1 - 735

Sequence 2      : DREB2H.nuc
Size            : 534
Matching Position : 1 - 534

```

## Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatch     : 1
Gaps         : 1
*Not         : 2

Matching      : 48.72 [%]
Weight       : 93

```

```

1 : AT-----GGA AAAGGAAGAT AACGGATCGA A-AC-AGA-G CTCCTCTGCT TCTGTGTAT
  **   *** ** ***** *   *   ** *   ** **   *   *   *   *   *
1 : ATGCCCAGGA AACGGAAG-T CTCG--TGGA ACACGAGATG TAGCTGAGAT TCTAAGGAA-

53 : CCTCGAGAAG ACGAAGAAGA GTGGTTGAGC CAGTGAAGC GACGTTACAG AGATGGGAGG
  *   *** ** *   *   *   **   **   *   *   **   *   **   *   ****
57 : -ATGGAG-AG AGTACAATGA G-----CAGA CCGAGGCAGA TTC-TTGCAT CGATGC--

113 : AAGAAGGATT GCGGAGAGCT CGTAGGGTTC AAGCCAAAGG TTCGAAGAAA GGTGTATGA
  *   ** *   *   ** *   ** **   *   *** *   ***** **
105 : -TGGTGGTTC AAAACCAATC CGAAAGGCTC CTCCAAAACG TTCGAGGAAG GGTGTATGA

173 : GAGGAAAAGG TGGACCAGAG AATCCTGTTT GTCGGTTTAG AGGTGTTCCA CAAAGGGTTT
  *** ***** **   ***   ***   **   *   **   ***   ***   **   ***   *
164 : AAGGTAAGG TGCACCTGAA AATGGGATTT GTGACTATAC AGGAGTTAGA CAGAGGACAT

233 : GGGGGAATG GGTTCCTGAG ATACGTGAAC CAGTGAGTCA CCGTGGTGCA AACTCTAGTC
  **** ***** ***** **   ***** *   ***   ***   *****
224 : GGGGTAATG GGTTCCTGAG ATCCGTGAGC CAG-----G CCGAGGTGC-----

293 : GTAGTAAACG GCTTTGGCTT GGCACGTTTG CTACTGCAGC TCAAGCTGCT TTGGCTTACG

```

```

0010181
***      * * * **** ** * ** *** * ** ***** *
267 : ---TAA--- GTTATCGCTC GGTACTTCT CTAGTTCATA TGAAGCTGCA TTGGCTTAGT

353 : ACAGAGCTGC TAGTGTCTAG TACGGACCTT ATGCCAGGTT AAATTTCCCG GAAGATTGG
*      *** * * * ** ***** * * **** * * *** * **
320 : ATGAGGCTTC CAAAGCTATT TACGGTCAGT CTGCCCCGACT CAATCTTCC-----

413 : GTGGGGGAAG GAAGAAGGAC GAGGAGGCGG AAAGTTCGGG AGGCTATTGG TTGGAAACTA
***      **      ** * * * * **** * ** ** ***
369 : -----AC-----TGCTG CCACTGTGTC AGGC---TCGG TT---ACT-

473 : ACAAGGCGG TAATGGCGTG ATTGAAACGG AAGGTGAAA AGACTATGTA GTCTACAATG
**      **      ** * **** * * ***      * ***
399 : ---GC--- -ATTTCTG A-TGAATCTG AAG----- -TTGT-----

533 : AAGACGCTAT TGAGCTTGGC CATGACAAGA CTCAGATCC TATGACTGAT AATGAAATAG
**      ****      *** * ****
426 : ---GCAG TGAG----- -GAT A---CAAA-

593 : TGAACCCAGC AGTGAATCA GAGGAAGGTT ACAGCTATGA TCGATTCAAA TTGGATAACG
** * * * ** ***** * * ** ** ** ** * * **
444 : ---GC A---AGATC--- -TGGTT -TTGGTCAGA TC---TCTAA CT---TCTCG

653 : GATTGTTGTA TAATGAACCT CAAAGCTCCA GTTATCACCA GGGAGGTGGA TTGGATTCA
** ** * **** * ** ***** ** **      ** ** *
480 : CAT---TTCCA AAATG---T TAA---GTCCA ---ATAAC---TGCA TTGG-----

713 : ATTTTGACTA TTTCAGATTC TAG
** ***      * * * **
515 : ---TTAAGTT GGGCGCTTAC TAG

```

```
Sequence 1      : DREB2F.nuc
Size            : 834
Matching Position : 1 - 834
```

```

Sequence 2      : DREB26.nuc
Size            : 924
Matching Position : 1 - 924

```

### Matching Condition.

Matches	:	-1
Mismatches	:	1
Gaps	:	1
*Nt	:	2
<hr/>		
Matching	:	54.15 [%]
Weight	:	19

```

1 : ATGG-AGAA- ATCATCTC- -----AA TGAACAATG GAAG----- -AAGGGTCCT
    **** *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *
1 : ATGGAAGAAG AGCAACCTCC GGCCAAGAAA CGAAACATGG GGAGATCTAG AAAAGGT--T
    *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

43 : GCTCG--GGG TAAAGCGGGT CCACAAAACG CTCCTTTGCA GTACCGTGGA GTCAGGCCAA
    *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *
59 : GCATGAAAGG TAAAGCGGGT CCAGGAAAACG CCACGTGTAC TTTCCGTGGA GTTAGGCCAAC
    *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

101 : GGACTTGGGG CAAATGGGTC GCTGAGATCA CAGAGCCCAA GAAGAGGGCA AGACTTTGGC
    *****  *****  *****  *  *****  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

```

0010181

119 : GGACTTGGGG TAAATGGCTG GCTGAGATCC GTGACGCTAA CCGTGGGACT CGTCTCTGCC  
161 : TTGGCTCTTT CGCTACAGCT GAAGAAGCAG CTATGGCTTA TGATGAGGCT GCCTTGAAC  
\*  
179 : TCGGCACGTT TAATACCTCG CTCGAGGCCG CCATGGCTTA CGATGAAGCC GCTAAGAAAC  
221 : TCTATGGGCA CGAGCAGCAT CTCAACTT---ACC TCATCTTCAG C-----  
\*\*\*\*\* \*\* \* \* \* \*\*\*\*\* \*\* \* \* \* \*  
239 : TCTATGACA CGAGGCTAAA CTCAACTTGG TGCACCACAA ACAACAACAA CAAGTAGTAG  
263 : GGAATACAA--GACCTTC TCTGAGTAAC---TC---T C-AGAGGTTC AAATGGGTAC  
\*  
299 : TGAACAGAAA CTTGTCTTTT TCTG-GCCAC GGGTGGGGT CTTGGGCTTA TAATAAGAAG  
311 : CTTCAAGGAA GTTTAT---- --ATCTATG TTTCTTCAT G-TGGTATG CTAACGTGA  
\*  
358 : C-TCGATATG GTTCATGGGT TGGACCTTGG TCTCGGCCAG GCAAGTTGTT CACGAGGTT  
362 : ATGCTCAGCC TAGTGTTTAC ATAATCCAGC AAGACTAGTA AGAACTCAAG AAAACTGGAC  
\*\*\*\*\* \*\*  
417 : TTGCTCAG--AGAGATCGA GTTTTCTA-C AAGAAGATGA TGATCATAGT CATATTCGAT  
422 : TTTTATC-TC AA---TCCT ATTCTT---CT AGTTCT--CC TCCACCGAAT CAAAACTAA  
\*\* \*\* \*\*  
473 : GTTCGTCTTC AAGTGGTTCC AATCTTTGTT GGTATTACC TAAACAAGT GATTCACAAG  
474 : TACTAGCTTT C-TTCATGAG AAGACCAGCA AGGAGAGAAC AGACAAT--- -ATGTTG-  
\* \*\*  
533 : ATCAAGAGAC CGTTAATGCT ACAGCTAGTT ATGCGCGTGA AGCGGTGTGT GGTCTACGT  
527 : -AAGGTGCT- GATC-AGAAG AAACCAGAGA --TCGACCTG ACCGAGTTTC TTCAGCA-AC  
\*  
593 : TAACGTTTTT CACCAATTTG AAACCAAAGA ATTTGATGAG TCAGA-ATTA TGAATTATAC  
581 : TAGGAATCTT G---AAGGAT GAAATGAAG CAGAACCAAG TGAGTAGCA -GA-GTGTC  
\*  
652 : AATGGAGCTT GGTCTAGETT TCTGTGGGG CAAGAAAAGA AGACGGAACA TGACGTGTCA  
636 : T-TCCCCTC CACCATGAA CGAGCAAGAA GAAACTGAA GTCTTTTCAG AACTGAGAA  
\* \*\*  
712 : TCGTCGTGTG GATCGTCGGA C-AACAAGGA GA---GTAT GTTGCTTC---CT---AGT  
694 : TTCAGCTGGG ATACCTGTAT CGAGATGCCA AGAAGTGAAA CCACAACATG GCAATTTG--  
\*  
760 : TGGCGCGGAG AGA--GGAT GCATAGGCC- GGAGTTGGA GAGCGAACAG GATATTGGA  
752 : ACTCCAGCAA CTTCCGAAGC T-ATGATT-----TTG A-CG-ATG ATGTATCCTT  
\*  
816 : AATGGATGAT CTTTGGAGA TTGATGATT AGGTTCTTG ATTGGCAAAA ATGGAGATT  
798 : C---CCTTCC ATCTGGG--- ---ACT ACTACGGAAG CTTAGAT-TG A  
\*  
876 : CAAGAATTGG TGTTGTGAAG AGTTTCAACA TCCATGGA--TTGGTTCTG A

```

Sequence 1      : DREB2F.nuc
  Size          : 834
  Matching Position : 1 - 834
Sequence 2      : DREB2H.nuc

```

【図 4-38】

0010181

Size : 534  
Matching Position : 1 - 534

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*N+ : 2

Matching : 41.63 [%]  
Weight : 254

```

1 : ATGGAGAAT CATCCTCAAT GAAACAATGG AAGAAGGCTC CTGCTCGGGG TAAAGGCGGT
   ***          * * ***** ** ***          **** ** **
1 : ATG----- ---CCCAG GAAAC---GG AAG----- -TCTCGTGG -AA-----

61 : CCACAAAACG CTCTTTGTCA GTACCGTGGG GTCAGGCAAA GGAAGTGGGG CAAATGGGCT
   *** * *      ***      * ** * * * ** **      *****
29 : -CAGGAGA- ---TGT- ---AGCTGA G-ATTCTAA GG----- -AAATGG-

121 : GCTGAGATCA GAGAGCCCAA GAAGAGGGCA AGACTTTGGC TTGGCTCTTT CGCTACAGCT
      * ***** ** * ***      ****      * * ****
61 : -----A GAGAGTACA- -ATGAG-C AGACCGAGGC -AGATTCTT- -----

181 : GAAGAAGCAG CTATGGCTTA TGATGAGGCT GCCTTCAAA CTTATGGGCA CGACGCATAC
      *** * **** ** **      ** ***      * * * * * * *
95 : -----GCAT CGATGG- TGGTG----- -GTTCAAAA CCAATCCGAA AGGCTCCT-C

241 : CTCAACTTAC CTCATCTTCA GCGGAATACA AGACCTTCTC TGAGTAACTC TCAGAGGTTG
      * ***          *** * ****          * * * * * * *
137 : CAAAAC----- GTTC- GAGGAA----- -GGGT-TGTA TGAAGGT-

301 : AAATGGGTAC CTCAAGGAA GTTTATATCT ATGTTTCCTT CATGTGCTAT GCTAA-ACG
      *** * * * * ** * * * * * * * * * * * * *
169 : AAAGGTGGAC CT-----GAA AATGGGATTT GTGACT-ATA CAGGAGTTAG ACAGAGGACA

359 : TGAATGCTCA GCCTAGTGT CACATAATCC AGCAAGACTC AGAAGAACTC AAGAAAACCTG
      ** * * * * * * * * * * * * * * * * *
223 : TG-GGGTAA ATGGGTGCT GAGATCCGTG AGCCAGGCC- -GAGTGCT- AAG-----

419 : GACTTTTATC TCAATCCTAT TCTTCTAGTT CTTCCTCCAC CGAATCAAAA ACTAATACTA
      * * * * * * * * * * * * * * * * *
271 : ---TTATGGC TCGTACT-T TC-TCTAGTT C----- -ATATGAA GCT-GCATTG

479 : GCTTTCTTGA TGAGAAGACC AGCAAGGGAG AAACAGACAA TATGTTGAA GGTGGTGATC
      **** *** **** ** * *** * ** * * * * *
313 : GCTT--ATGA TGAGGCTTCC A--AAGCTAT TTACGGTCAG TCTGCCGA- -----C

539 : AGAAGAAACC AGAGATCGAC CTGACCGAGT TTCTTCAGCA ACTAGGAATC TTGAAGGATG
      ** ** * * * *** **      ** * *** * * * ****
359 : TCAATCTTCC ACTGCTGCCA CTGTGTCAG- -GCTCGGTT ACT-GCATT TT-CTGATG

599 : AAAATGAAGC AGAACCAAGT GAGGTAGCAG AGTGTCATTC CCTCCACCA TGAACGAGC
      ** ***** ** ** ****      **      **      * **
412 : AATCTGAAGT TTGTGCACGT GAGG----- -AT- -AC- -AAATGC

659 : AAGAAGAAAC TGAAGTCCT TTCAGAACTG AGAATTTGAG CTGGGATACC CTGATCGACA
      *** * * * * * * * * * * * * * * * *
446 : AAG---ATC TGG-----T TTTGG---TC AG-ATCTC- -TA-A CTTCTCGCAT

```

## 【図 4-39】

-0010181

```

719 : TGCCAAGAAG TGAAACCACA ACTATGCAAT TTGACTCCAG CAACTTCGGA AGCTATGATT
    * ****          ***   ** * ****   ****   **   ***
483 : TTCCAA-----AATG---TTAAGTCCAA TAACT---GC---ATT

779 : TTGAGGATGA TGTATCCTTC CTTCCATCT GGGACTACTA CGGAAGCTTA GATTGA
    * * * **          * *** * * *   ** *
513 : ---GGTTA AGT-----T GGGGC-GTTA C-----TA G-----

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2G.nuc
Size            : 924
Matching Position : 1 - 924

Sequence 2      : DREB2H.nuc
Size            : 534
Matching Position : 1 - 534

```

## Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatch          : 1
Gaps              : 1
*NT              : 2

Matching          : 38.38 [%]
Weight            : 325

```

```

1 : ATGGAAGAAG AGCAACCTCC GGCCAAGAAA CGAAACATGG GGAGATCTAG AAAAGGTTGC
   **          * *** **** ** **   * * * *   * * * *
1 : AT-----GCCAGGAAA CGGAAGTCTC GTGGAAC-AC GAGATGTAGC

61 : ATGAAAGGTA AAGGCGGTCC AGAGAACGCC ACBTGTACTT TCCGTGGAGT TAGGCAACGG
    *** *   **** *   *****   ****   * * **   ***** *
42 : -TCGATTCT AAGGAAATGG AGAGA-----GTACAA TGAGCAGACC GAGGCA---G

121 : ACT-TGGGCT AAATGGGTGG CTGAGATCCG TGAGCCTAAC CGTGGGACTC GTCTCTGGCT
    * * * *   ** ***** ** * **   * ** * * **   * ***   **
89 : ATTCTTGCAT CGAT-GGTGG -TG-GTTC- AAAACCAATC CGAAAGGCTC -----CT

180 : CCGCAGCTTT AATACCTCGG TCGAGGCCCG CATGGCTTAC GATGAAGCCG CTAAGAAACT
    * **   **   **   *****   * ** **   **   ****
136 : C-CA-----AA---ACGT TCGAGG-----AAGGTT-----GTATGAAA-

240 : CTATGGACAC GAGGCTAAAC TCAACTTGGT GCACCCACAA CAACAACAAC AAGTAGTAGT
    * ****          *** * ***
166 : -----GGTAAA-----GGT GGACC-----T

300 : GAACAGAAAC TTGTCTTTT CTGGCCACGG GTCGGGTCT TGGGCTTATA ATAAGAAGCT
    **   ***          *** * * ** * ****   ** ** *
181 : GA---AAA-----TGGGAT-T TCTGACTATA -CAGGAGTT

360 : CGATATGTT CATGGGTTGG ACCTTGGTCT CGGCCAGGCA AGTTGTTTAC GAGGTTCTTG
    ** * *   ***** *   ***   **** *   *** * * **
211 : AGACAGAGGA CATGGGTTAA A---TGC-----GTTGCT---GAGATCCGTG

420 : CTCAGAGAGA TCGAGTTTTC TACAAGAAGA TGATGATCAT AGTCATAATC GATGTTCTGC
    ** **   ****          ***
251 : ---AGCCAGG CCGAG-----GTGCTAA---GTT-----

480 : TTCAAGTGGT TCGAATCTTT GTTGGTTATT ACCTAAACAA AGTGATTCAC AAGATCAAGA

```

【図 4-40】

0010181

```

273 : ----ATGGC TCGGTACTTT CT-----CTA-----
          ***   ***   ****   *           ***
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
540 : GACCGTTAAT GCTACGACTA GTTATGGCGG TGAAGCGGGT GGTGGCTCTA CGTTAACGTT
          *** *           ****           * * *   **** * * * *
293 : ---GTTCA-----TATG---AAGCTGC ATTGGCT-TA TGATGAGGCT
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
600 : TTCGACCAAT TTGAAACCAA AGAATTTCAT GAGTCAGAAT TATGGATTAT ACAATGGAGC
          *           **** ** * * **** * * *   *   **** *
328 : T-----CCAA AGCTATTTAC G-GTCAG--TCTGCCCCGAC TCAAT--C
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
660 : TTGCTCTAGG TTTCTTGTTG GCAAGAAAAA GAAGACGGAA CATGACGTGT CATCGTCGTG
          ** ** * * * ** * * *   ***   * ** ** ** ** **
365 : TTCCACT-G CTGCCACTGT GTCAGG---CTCGG--TTAC-TG- CATTTCCTGA
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
720 : TGGATCGTCG GACAACAAGG AGAGTATGTT GGTTCCTAGT TCGGCGGGAG AGAGGATGCA
          ** ***           * * *** ***           ** *   ***** **
410 : TGAATC---TC A-AGTTTGT-----GC-ACG TGAGGATACA
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
780 : TAGGCCGGAG TTGGAAGAGC GAACAGGATA TTTGGAAATG GATGATCTTT TGGAGATTGA
          *           ** **** *           ** *   *** ** * **
441 : AA-----TGCAAGATC-----TG C-----TTT TGGTCA-GA
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
840 : TGATTTAGGT TGTGTGATTG GCAAAAATGG AGATTTCAAG AATTGGTGTG GTGAAGAGTT
          * * **   ** * * * * **** * * *** ** ** * ** ***
466 : T-CTCTA-AC TTCTCGCATT TCCAAAATGT TAAGTCCAAT AACTGCATTG GTTAAG---
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
900 : TCAACATCCA TGGAAATTGGT TCTGA
          * *   * * **
520 : -----TTGGGGCGTT ACTAG
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |

```



## 【図 5-1】

0056504

+++++

Sequence 1 : DREB2A.aa  
Size : 335  
Matching Position : 1 - 335

Sequence 2 : DREB2B.aa  
Size : 330  
Matching Position : 1 - 330

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*Nt : 2  
  
Matching : 53.30 [%]  
Weight : 6

1 : MAVYDQSGDR NRTQIDTSRK RKSRSRGDGT TYAERLKRWK EYNETVE--- --EVSTKKRK  
\*\*\*\* \* \* \* \*\*\*\*  
1 : MAVYEQ--- --TGTEQPKK RKSRRARAGGL TVADRLKRWK EYNEIVEASA VKEGENPKRK  
  
56 : VPAKGSKKGC MKGKGGPENS RCSFRGVRQR IWGKWVAEIR EPNRGSRLWL GTFPTAQEAA  
\*\*\*\*\*  
55 : VPAKGSKKGC MKGKGGPDNS HCSFRGVRQR IWGKWVAEIR EPKIGTRLWL GTFPTAEKAA  
  
116 : SAYDEAAKAM YGSLARLNFP RSDASEVTST SSQSEVCTVE ----TPGCVH VKTEDPDCEs  
\*\*\*\*\*  
115 : SAYDEAATAM YGSLARLNFP QSVGSEFTST SSQSEVCTVE NKAVVCGDYC VKHEDTDCES  
  
172 : KPF----- --SGGVEPMY CLENGAEEMK RGVKADKHWL SEFEHNYWSD ILKEKEKQK-  
\*  
175 : NPFSQILDVR EESCGTRPDS C-TVGHQDMN SSLNYD--LL LEFEQQYWGQ VLQEKEKPKQ  
  
222 : -----EQGIV ETCQQQ-QRD SLSVADYGWP --ND--VDQS HLDSSDMFDV DELLRDLMGD  
\*  
232 : EEEEIQQQQQ EQQQQLQPD LLTVADYGWP WSNDIYNDQT SNDPNECFDI NELLGDLN-  
  
272 : DVFAGLNQDR YPGNSVANGS YRPESQQSGF DPLQSLNYGI PPFOLEGKDG NGFFDOLSYL  
\*  
290 : --EPGPHQ-S QQQNHVNSGS -----YDL HPLHLEPHDG --HEFNGLSSL  
  
332 : DLEN  
\*  
329 : D--I

+++++

Sequence 1 : DREB2A.aa  
Size : 335  
Matching Position : 1 - 335

Sequence 2 : DREB2C.aa  
Size : 341  
Matching Position : 1 - 341

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*Nt : 2

## 【図 5-2】

0056504

Matching : 36.83 [%]  
Weight : 128

```

1 : MAVYDQSGDR NRTQIDTSRK RKSRSRGDGT TVAERLKRWK EYNETVEEVS -----TKK
  *      *      *      *      *      *      *      *      *
1 : M----- --PSEIVDRK RKSRTGTRD-- -VAEILRQWR EYNEQIEAES CIDGGGPKSI

54 : RKVPKAGSKK GCMKGKGPE NSRCSFRGVR QRIWGWVAE IREPHRGSRRL WLGTFPTAQE
  * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
47 : RKPPPKGSRK GCMKGKGPE NGICDYRGVR QRRWGWVAE IREPDGGARL WLGTFSSSYE

114 : AASAYDEAAK AMYGLARLN FPRSDASEVT STSSQSEVCT VETPGCV--- HVKTEDPDCE
  * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
107 : AALAYDEAAK AIYGQARLN LP-----EIT NRSS-STAAAT ATVSGSVTAF SDESEVCARE

171 : SKPFSGGVPE MYCLENAGEE MKRGVKADKH WLSEFEHNYW SDILKEKEKQ KEQGIVETCQ
  * *      *      *      *      *      *      *      *
161 : DTNASSG-FG QVKLEDCSDE ---YVLLDSS QCIKEE--- ---LKGKEEV REEHNLAVGF

231 : QQQQDS---- LSVADYGWPH DVDQSHLDSS DMFDVDELLR DLNGDDV--- -FAGLNQDRY
  * * *      *      *      *      *      *      *      *
210 : GIGQDSKRET LDWLMGNGW EQEPLFEGVD ETFDINELLG ILNDNNVSGQ ETMQYQVDRH

283 : P-----G NSYANGSYRP -ESQSGFD- -----PLQS LNYGIPPFQL ECKD---GNG
  *      *      *      *      *      *      *      *      *
270 : PMFSYQTQFP NSMLGSLNP MEIAQPGVDY GCPYVQPSDM ENYGIDLDHR RFNOLDIQDL

324 : FFDLSYLDL EN
  *
330 : DFGGDKDVHG ST

```

+++++

Sequence 1 : DREB2A.aa  
Size : 335  
Matching Position : 1 - 335

Sequence 2 : DREB2D.aa  
Size : 206  
Matching Position : 1 - 206

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*N+ : 2  
Matching : 28.96 [%]  
Weight : 167

```

1 : MAVYDQSGDR NRTQIDTSRK RKSRSRGDGT TVAERLKRWK EYNETVEEVS TKRKVPKAG
  *      *      *      *      *      *      *      *      *
1 : M----- --SSIE PKVMMVG--- -----AN KKQRTVQA-S

61 : SKKGCMKGKG GPENSRCFR GVRQRIWGWV VAEIREPHRG SRLWLGTFPT AQEAASAYDE
  * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
24 : SRKGCMRGKG GPDNASCTYK GVRQRTWGWV VAEIREPHRG ARLWLGTFDT SREAALAYDS

121 : AAKAMYGLA RLNFPRSDAS EVTSTSSQSE VCTVETPGCV HVKTEDPDCE SKPFSGGVPE
  * * * * * * * * * * *      *      *      *      *

```

【図 5-3】

0056504

```

84 : AARKLYGPEA HLNLPESLRS YPKTASS--- PASQTPSSN TGGKSSSDSE S-PCS---
181 : MYCLENAGEE MKRGVKADKH WLSEFEHNYW SDILKEKEKQ KEQGIVETCQ QQQQDSLSVA
      * *          * *          * *          * *
135 : -----SNE M-----S SCGRVTEEIS WEHINV-----DLPVM
241 : DYGWPNDVDQ SHLDSSDMFD VDELLRLNG DDVFAGLNQD RYPGNSVANG SYRPESQQSG
      * *          * *          * *          * *
161 : D-----DSS--I WEEATMSLGF PWVHEGDN-----DISR
301 : FDPLQSLNYG IPPFQLEGKD GNGFFDDLSY LDLEN
      ** *          * *
188 : FDTCLIS-----GGYSNWDSEH SPL--

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2A.aa
Size            : 335
Matching Position : 1 - 335

```

```

Sequence 2      : DREB2E.aa
Size            : 244
Matching Position : 1 - 244

```

Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatches       : 1
Gaps             : 1
*H+              : 2

Matching         : 34.20 [%]
Weight           : 143

```

```

1 : MAYYDQSGDR NRTQIDTSRK RKSRSRGDDT TVAERLKRWK EYNETVEEVS TKKRKVPAGK
  * *          * *          * *          * *
1 : MEKEDNGSKQ SSSASVSSR ---RRRRVVE PVEATLQRW---EEEGL ARARRVQAG
61 : SKKGCMKGKG GPENSRCFSR GVRQRIWGKW VAEIREP---NRGSR LNLGTFPTAQ
     ***** * * * * * ***** * * * * *
52 : SKKGCMRGKG GPENPVCRFR GVRQRVWGKW VAEIREPVSH RGANSSRSKR LNLGTFATAA
113 : EAASAYDEAA KAMYGPLARL NFPRSDASEV TSTSSQSEVC TVETPGCVHV KTEDPDCESK
     *** * * * * * * * * * * * * * * *
112 : EAALAYDRAA SVMYGPYARL NFP-----EDLGGRK K-DEEAE-
173 : PFGGVEPHY CLE-NGAEEM KRGVKADKHV LSEFEHNYWS DILKEKEKQ EQGIVETCQ
     *** * * * * * * *          * *          * *
150 : --SGG--Y WLETKA-- GNGV-----IETEGGK DYVVYNDAI ELGHDKT-QN
232 : QQQQDSLSVAD YGWPNVDQDS HLDSSDMFDV DELLRLNGD DVFAGLNQDR YPGNSVANGS
     * *          * *          * *          * *
191 : PMTDNEIV--NPAVKSE EGYSYDRFKL D-----NGL
292 : YRPESQQSGF DPLQSLNYG! PPFQLEGKDG NGFFDDLSY- LDLEN
     * * *          * *          * *
220 : LYNEPQSS--SYHQG-----GGFD--SYF EYFRF

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2A.aa
Size            : 335
Matching Position : 1 - 335

```

## 【図 5-4】

0056504

Sequence 2 : DREB2F.aa  
 Size : 277  
 Matching Position : 1 - 277

## Matching Condition.

Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 #N# : 2  
 Matching : 27.71 [%]  
 Weight : 176

```

1 : MAVYDQSGDR NRTQIDTSRK RKSRSRGDGT TVAERLKRWK EYNETVEEVS TKKRKVPAGK
  *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
1 : M----- EKSS-----MKQ

61 : SKKGCWKKGK GPENSRCSEF GVRQRIWGWK VAEIREPNRG SRLNLGTFPT AQEAASAYDE
   **  **  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *
10 : WKKGPARGKG GPQNALCQYR GVRQRTWGWK VAEIREPKKR ARLWLGSFAT AEEAAMAYDE

121 : AAKAMYGLA RLNFPRSDAS EVTSTS-SQ-----SEVCT VETPGC-----VHVKTE
   **  **  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *
70 : AALKLYGHDA YLNLPHLQRN TRPSLSNSQR FKWPVSRKFI SMFPSCGMLN VNAQPSVHII

166 : DPDCESKPFK GGVEPMWYLE NGAEMKRGV KADKHWLSEF EHNYWSDILK EKEKQKEGGI
   *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
130 : QQRLEELKKT GLLSQSYSSS SSSTE----S KTNTSFLDEK TSKGETDNMF EGGQKKKPEI

226 : VETCQQQQQD SLSVADYQWP NDVDQSHLDS SDMFQVDELL RDLNGDDVFA GLNQDRYPGN
   *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
186 : DLTEFLQQLG ILKDENEAEF SEVAECH--S PPPWMEQET GSPFRTENFS WDTLIEMP--

286 : SVANGSYRPE SQQSGFDPLQ SLNYGIPPFQ LEGKDGNGFF DDLSYLDLEN
   *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
242 : -----RSE TTTMQFD-- SSNFGSYDF--EDDVSEF SIWDYVGLD
  
```

+++++

Sequence 1 : DREB2A.aa  
 Size : 335  
 Matching Position : 1 - 335

Sequence 2 : DREB2G.aa  
 Size : 306  
 Matching Position : 1 - 306

## Matching Condition.

Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 #N# : 2  
 Matching : 26.12 [%]  
 Weight : 184

```

1 : MAVYDQSGDR NRTQIDTSRK RKSRSRGDGT TVAERLKRWK EYNETVEEVS TKKRKVPAGK
  *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
1 : -----EEEQ PPAKKRNMR

61 : SKKGCWKKGK GPENSRCSEF GVRQRIWGWK VAEIREPNRG SRLNLGTFPT AQEAASAYDE
  
```

```

0005504
* **** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
15 : SRKGCMKKGK GPENATCTFR GVRQRTWCKW VAEIREPNRG TRLWLGTFTN SVEAAMAYDE

121 : AAKAMYGLA RLN--FRPSD ASEV----TS TSSQSEVCTV ETPGCVHVKT EDPDCESKPF
*** ** * ** * * * * * * * * * *
75 : AAKKLYGHEA KLNLVHPQQ QVVVNRNLS FSGHSGSBA YNKKLQWVHG LDGLGLQASC

175 : SGGVEPMYCL ENGAEEMKRG VKADKHWLSE FEHNYWSDIL KEKEKQKEQG IVETCQQQQQ
* * * * * * * * * * * * * * * *
135 : SRG---SCS ERSSFLQEDD DSHNRCSSS SGSNLCLWLP KQSDSQDQET VNATTSYGGE

235 : DLSLVADYGW PNDVDQSHLD SSDMFDVDEL LRDNLGQDVF AGLNQDRYPG NSVANGS--
* * * * * * * * * *
191 : GCGGSTLTFS TNLKPKNLMS QNYGLYNCAW SRFLVGQEKK TEHDVSSSCG SSDNKESMLV

292 : -----YR PE-SQQSGFD PLQSLNYGIP PFQLEGKDG- --NGFFDDL YLDLEN
* * * * * * * * * *
251 : PSCGGERMRH PELEERTGYL EMDLLEIDD LGLLIGKNGD FKNWCCCEFO HPNNWF

```

Matches	:	-1
Mismatches	:	1
Gaps	:	1
*M+	:	2
<hr/>		
Matching	:	28.07 [x]
Weight	:	170

出証特 2 0 0 4 - 3 0 2 1 2 3 4

## 【図 5-6】

0056504

++++

Sequence 1 : DREB2B.aa  
 Size : 330  
 Matching Position : 1 - 330

Sequence 2 : DREB2C.aa  
 Size : 341  
 Matching Position : 1 - 341

Matching Condition.

Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 \*Nt : 2  
 Matching : 33.62 [%]  
 Weight : 134

```

1 : MAVYEQTGTE QPKKRKSRAR AGGLTVADRL KKWKEYNEIV EASAVKEGK PK--RKVPAK
  * **** * ** * * **** ** * ** **
1 : M---PSEI VDRKRKSR--GTRDYAEIL RQWREYNEQI EAESCIDGGG PKSIRKPPPK

59 : GSKKGCMKGK GGPDSHCSF RGYRQRIWKG WVAEIREPKI GTRLWLGTFF TAEKAASAYD
  ** **** * ** * **** * **** * **** **
53 : GSRKGCMKGK GGPENGICDY RGYRQRRWKG WVAEIREPDG GARLWLGTFS SSYEAALAYD

119 : EAATAMYGSL ARLNFP-- -- -- -- --QS VGSEFTSTSS QSEVCTVENK AVVCGDVCVK
  *** * ** **** * * * * **** * *
113 : EAAKAIYQGS ARLNLPEITN RSSSTAATAT VSGSVTAFSD ESEVCAREDT NASSGFGQVK

167 : HEDTDCESNP FSQILDVREE SCG---TRP DSCTVGHQDM NSSLNVDLL EFEQYWGQV
  ** * ** * ** * ** * *
173 : LEDCSDEYVL LDSSQCIKEE LKGKEEVREE HNLAVGFGIG QDSKRETIDA WLMGNGNEQE

223 : LQE---KEKP KQEE---EEI QQQQEQQQQ QLQPDLLTVA DYGPWSNDI VNDQTSWDPN
  * * * * * * * * * *
233 : PLEFGVDETf DINELGILN DNNVSGQETM QYQVDRHPNF SYQTQFPN-- SNLLGSLNPM

277 : ECFDINELLG DLNEPGPHQS QQQNHVNSGS YDLHPLHLEP HDGHEFNGLS SLDI
  * * * * *
291 : E---IAQPGV DYGCPYVQPS DMENYGIOLD HRRFNDLDIQ DLDGFGKQDV HGST
  
```

++++

Sequence 1 : DREB2B.aa  
 Size : 330  
 Matching Position : 1 - 330

Sequence 2 : DREB2D.aa  
 Size : 206  
 Matching Position : 1 - 206

Matching Condition.

Matches : -1  
 Mismatches : 1  
 Gaps : 1  
 \*Nt : 2  
 Matching : 28.48 [%]  
 Weight : 166

## 【図 5 - 7】

-0056504

```

1 : MAVYEQTGTE QPKKRKSRR AGGLTVADRL KKWKEYNEIV EASAVKEGK PKRKVPKGS
  * * * * *
1 : MSSIE-----PK-----VMMV GA-----NK KQRTVQA-SS

61 : KKGCMKGGKGG PDNSHCSFRG VRQRIWGKVV AEIREPKIGT RLWLGTFPTA EKAASAYDEA
  **** * * * * *
25 : KKGCMRGGKGG PDNASCTYKG VRQRTWGKVV AEIREPNRGA RLWLGTFDTS REAALAYDSA

121 : ATAMGSLAR LNFPSVGSE FTSTSSQSEV CTVENKAVVC GDVCVKHEDT DCESNPFSQL
  * * * * *
85 : ARKLYGPEAH LNLPELSRY PKTASS-----PASQ-

181 : LDVREESCGT RPSCTVGHQ DMNSSLNYDL LLEFEQQYWG QVLQEKEKPK QEEEEIQQQ
  * * * * *
115 : -----T TPSSNTGG--KSSDSESP CSSNEMSSCG RV-----TEEI-----

241 : QEQQQQLQP DLLTVADYGV PWSNDIVNDQ TSWDPNECFD INELLGDLNE PGPHQSQQQN
  * * * * *
149 : ---SWEHIN VDLPMDDSS INEEATMSLG FPWVHEGDND I---SRFDTCI SGGYSNWDSE

301 : HVNSGSYDLH PLHLEPHDGH EFNGLSSLDI
  * * * * *
203 : H-----SPL--

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2B.aa
Size            : 330
Matching Position : 1 - 330

```

```

Sequence 2      : DREB2E.aa
Size            : 244
Matching Position : 1 - 244

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H*         : 2
Matching     : 29.20 [%]
Weight       : 161

```

```

1 : MAVYEQTGTE QPKKRKSRR AGGLTVADRL KKWKEYNEIV EASAVKEGK PKRKVPKGS
  * * * * *
1 : N-EKEDNG--SKQSSA--SVVSSRRR RRVVEPVEAT LQRWEEGLA RARRVQAKGS

61 : KKGCMKGGKGG PDNSHCSFRG VRQRIWGKVV AEIREP----KIGTRL WLGTFTAEK
  **** * * * * *
53 : KKGCMRGGKGG PENPVCFRG VRQRVWGKVV AEIREPVSHR GANSSRSKRL WLGTFTATAE

113 : AASAYDEAAT AMYGLARLH FPQSVGSEFT STSSQSEVCT VENKAVVCGD VCVKHEDTDC
  ** * * * *
113 : AALAYDRAAS VMYGPYARLH FP-----

173 : ESNPFSQLD VREESCGTRP DSCTVGHQDM NSSLNYDLLL EFEQQYWGQV LQEKEKPKQE
  * * * * *
135 : EDLGGGRKKD EEAESSG-----GYNL ETNKAGNGVI ETEGGKDYVV

233 : EEEIQQQQE QQQQLQPD LTVADYGPW SNDIVNDQTS WDPNECFDIN ELLGDLNEPG

```

0056504

176 : \* \* \* \* \*  
Y N E D A T E L G H D K T Q N P M T O - - - - - N E I V N P A V K S E E G Y S Y D R F K L O N G L - - - - -

293 : P H Q S Q D Q N H V N S G S Y D L H P L H L E P H D G H E F - N G L S S L D I

220 : \* \* \* \* \*  
- - - - - L Y N E P Q S S Y - - - - - H Q G C G F D S Y F E Y F R F

296 : SQDNHVN SG SYDLHPLHLE PHDGHEFNGL SSLDI  
\* \* \* \* \*  
249 : QED—SSNEG SYDEEDDYSE P—SIWDYY GSLD—

Matches	:	-1
Mismatches	:	1



【図 5-9】

0056504

```

Gaps          :      1
*NT+         :      2

Matching      :    26.35 [%]
Weight       :    185

1 : MAVYEQTGTE QPKKRKSRAR AGGLTVADRL KKWKEYNEIV EASAVKEGK PKRKVPKGS
   *  **
1 : -----EEE QP----- PAKKRNMGRS

61 : KKGCMKGKGG PDNSHCSFRG VRQRIWGWV AEIREPKIGT RLWLGTFTPTA EKAASAYDEA
   * * * * *
16 : RKGCMKGKGG PENATCTFRG VRQRTWGWV AEIREPNRGT RLWLGTFTNTS VEAAMAYDEA

121 : ATAMYGLSLR LN--FPQSVG SEFTSTSSQS EVCTVENKAV VCGDVCVKHE DTDCESNPFS
   *  ** *  **
76 : AKKLYGHEAK LNLVHPQQQQ QVVVNRNLSF SGHSGSGWAY NKKLDMVHGL DLGLGQASCS

179 : QILDVREESC GTRPDSCTVG HQDMNSSLNY DLLLEFEQQY WQVLQKEK PKQEEEEIQQ
   *  *  *  *  *  **
136 : -RGSCSERSS FLQED-DDHS HNRCSSSSGS NLCWLLPKQS DSQDQETVNA TTSYGGEQGG

239 : QQEQQQQQQL QPDLLTVADY G--WPWS-----N DIVNDQTSWD PNECFDINEL
   *  *  *  *  *  **
194 : GSTLTFSTNL KPNLMSQNY GLYNGAWSRF LVGQEKTEH DVSSSCGSSD NKESMLVPSC

285 : LG--DLNEP GPHQSQQNH VNSGSYDLHP LHLEPHD--GHEFNLSS LDI
   *  *  *  *  *  *
254 : GGERMHRPEL EERTGYLEND DLLEIDDLGL LIGKNQDFKN WCCEEFQHPW NWF

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2B.aa
Size            :    330
Matching Position :    1 - 330

```

```

Sequence 2      : DREB2H.aa
Size            :    177
Matching Position :    1 - 177

```

Matching Condition.

```

Matches        :    -1
Mismatch       :     1
Gaps           :     1
*NT+          :     2

Matching       :    28.92 [%]
Weight        :    160

```

```

1 : MAVYEQTGTE QPKKRKSRAR AGGLTVADRL KKWKEYNEIV EA--SAVKEG EKPKRKVPK
   *  * * * * *
1 : M----- -PKRKSR-- -GTRDVAEIL RKWREYNEQT EADSCIDGGG SKPIRKAPPK

59 : GSKKGCМКGK GPDNSHCSF RGVRQRIWGW WVAEIREPKI GTRLWLCTFP TAEKAASAYD
   * * * * *
48 : RSRKGCМКGK GPFENGICDY TGVQRRTWGW WVAEIREPGR GAKLWLCTFS SSYEALAYD

119 : EAATAMYGLSL ARLNFPQSVG SEFTSTSSQS EVCTVENKAV VCGDVCVKHE DTDCESNPFS
   *  *  *  *  *
108 : EASKAIYGQS ARLNLP-----

```

## 【図 5-10】

0056504

```

179 : QILDVREESC GTRPDSCTVG HQDMNSSLNY DLLLEFEQY WGQVLQEKEK PKQEEEEIQQ
124 : ----- ** * * *
          --LLPLCQ-- --ARLLHFLMN LKFVHVRIQM

239 : QQQEQQQQL QPDLTVADY GWPWSNDIVN DQTSWDPNEC FDINELLGDL NEPGPHQSQD
149 : Q----- ** ----- * ** * *
          --DL----- --VLVR SLTS----- --RISKML----- --SPI

299 : QNHVNSGSYD LHPLHLEPHD GHEFNGLSSL DI
169 : * * *
          TALVKLGRY-----

```

++++

```

Sequence 1      : DREB2C.aa
Size            : 341
Matching Position : 1 - 341

```

```

Sequence 2      : DREB2D.aa
Size            : 206
Matching Position : 1 - 206

```

Matching Condition.

```

Matches       : -1
Mismatches    : 1
Gaps          : 1
*H+          : 2

Matching      : 29.03 [%]
Weight       : 167

```

```

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDAE ILRQWREYNE QIEAESCIDG GGPKSIRKPP PKGSRKGCWK
  * * * * *
1 : MSS----- --IEPKVMVG ANKK--QRTV QASSRKGCWK

61 : GKGGPENGIC DYRGVRQRRW GKWVAEIREP DGGARLWLGT FSSSYEAALA YDEAAKAIYQ
    **** * * * **** * **** * * **** * * **** *
31 : GKGGPDNASC TYKGVQRQW GKWVAEIREP NRGARLWLGT FDTSSREAALA YDAAARKLYG

121 : QSARLNLPEI TNRSSTAAT ATVSGSVTAF SDESEVCARE DTNASSGFGQ VKLEDSCSDEY
    * **** * * * * *
91 : PEHLNLPE----- SLRSPKTAS SPAS----- QTPSSNTG----- GKSSD-----

181 : VLLDSSQCIC EELKGKEEVR EEHNLAVGFG IGQDSKRETL DAWLMGNGNE QEPLEFGVDE
    * * * * *
129 : ---SESPCSS NEMSSCGRVT EE----- ----- --IS

241 : TFDINELLGI LNDNNVSGQE TMQYQVDRHP NFSYQTQFPN SHLLGSLNPM EIAQPGVDYG
    ** * * * **
150 : WEHINVDLPV MDDSSIWEEA TM----- --SL----- --G

301 : CPYVQPSOME NYGIDLHRR FNDLDIQDLD FGQDKDVHGS T
    * * * * *
175 : FPNV----- --HEGDNDISR F-DTCISGGY SNND-SFHSP L

```

++++

```

Sequence 1      : DREB2C.aa
Size            : 341
Matching Position : 1 - 341

```

## 【図 5-11】

0056504

Sequence 2 : DREB2E.aa  
Size : 244  
Matching Position : 1 - 244

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*Nt : 2

Matching : 30.29 [%]  
Weight : 172

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDAE ILRQWREYNE QIEA-ESCID GGGPKSIRKP PPKGSRKGCN  
\* \* \* \* \*  
1 : MEKEDNGSKQ SS---SASVV SSRRRRVVE PVEATLQRWE EEGLARARRV QAKGSKKGCN

60 : KGKGGPENG I CDYRGVRQRW GKWVAEIRE P-DGGA---RLWLGT F SSSYEAAALY  
\*\*\*\*\* \* \*\*\*\*\* \* \* \*  
58 : RKGKGPENPV CRFRGVRQRV GKWVAEIRE PVSHRGANSS RSKRLWLGT F ATAAEAALY

112 : DEAAKAIYGQ SARLNLPEIT NRSSTAATA TVSGSVTAFS DESEVCARED TNASSGFGQV  
\* \* \* \* \*  
118 : DRAASVMYGP YARLWFPE--- -DLGGGRKKD EEAE---SSG---

172 : KLEDSCSEYV LLDSSQCIKE ELKGKEEVRE EHNLA VGFI GDQSKRETLD AWMGNQNEQ  
\* \* \* \* \*  
152 : ---GYW L-----ETNKA---GN G---VIETEG GKDYVVYNE-

232 : EPLEFGVDET FDINELLGIL NDNVSCQET MQYQVDRHPN FSYQTQFPNS NLLGSLNPWE  
\* \* \* \* \*  
179 : DAIELGHDKT QNPMTDNEIV NPAVKS---E EGYSYDR---FKLD N-----

292 : IAQPGVDYGC PYVQPSDMEN YGIDLHRRF NDLDIQDLDF GGDQDVHGST  
\* \* \* \* \*  
218 : ---GLLYNE P-QSSSYHQ GG-----GFD SYF ---EYFRF

+++++

Sequence 1 : DREB2C.aa  
Size : 341  
Matching Position : 1 - 341

Sequence 2 : DREB2F.aa  
Size : 277  
Matching Position : 1 - 277

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*Nt : 2

Matching : 29.89 [%]  
Weight : 172

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDAE ILRQWREYNE QIEAESCIDG GGGPKSIRKPP PKGSRKGCNK  
\* \* \* \* \*  
1 : M-----EKS---SS MKQWKKGPAR

61 : KGKGPENGIC DYRGVRQRW GKWVAEIREP DGGARLWLGT FSSSYEAALA YDEAAKAIYG  
\*\*\*\*\* \* \*\*\*\*\* \* \*\*\*\*\* \* \* \* \* \*

【図 5-12】

0056504

```

17 : GKGGPQWALC QYRGVRQRTW GKWVAEIREP KKRARLWLG FATAEEAAMA YDEAALKLYG

121 : QSARLNLP-- -EITNRSST AATATVSGSV TAFSDESEVC AREDTNA--S SGFGQVKLED
      * ***      * * *      *      *      * * *      * *
77 : HDAYLNPLHL QRNTRPSLSN SQRFKWVPS- RKFISMFPSC GMLNVNAQPS VHIQQRLE-

176 : CSDEYVLLDS SQCICEELKG KEEVREEHNL AVGFGIGQDS KRETLDARLM GNGNEQEPL
      ** **      *      *      * * *      * * *
135 : ELKKTGLL-- SQ-----SYS SSSSSTESKT NTSFLDEKTS KGET--DNM FEGGDQKKPE

236 : FGVDETFDIN ELLGILNDNN VSGQETMQYQ V-DRHPNFSY QTQFPNSNLL GSLNPMEIAQ
      * *      * * * * *      * *      *      * *
185 : --IDLT-EFL QQLGILKDN ---EAEPSE VAECSPPPW NEQ--EET GSPFRTENFS

295 : PGVDYGCPIYV QPSDMENYGI DLDHRRFNDL DIQDLDFGGD KDVGHS-T
      *      *      * *      * *      * *
234 : WDTLIEMPRS ETTTMOFSS NFGSYDFED- ---DVSFPSI WDYYGSLD
  
```

++++

```

Sequence 1      : DREB2C.aa
Size            : 341
Matching Position : 1 - 341
  
```

```

Sequence 2      : DREB2G.aa
Size            : 306
Matching Position : 1 - 306
  
```

Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatch          : 1
Gaps              : 1
*NT              : 2

Matching          : 28.25 [%]
Weight            : 174
  
```

```

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDVAE ILRQWREYNE QIEAESCIDG GPKSIRKPP PKGSRKGCNK
      * * *      *      * * *
1 : ----- EEE QPPA----- KKRN MGRSRKGCNK

61 : GKGGPENGIC DYRGVRQRRW GKWVAEIREP DGGARLWLGT FSSSYEAALA YDEAAKAIYG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
22 : GKGGPENATC TFRGVRQRTW GKWVAEIREP NRGTRLWLGT FNTSVEAAMA YDEAAKLYG

121 : QSARLNLP-- --PEITNR SSSTAATATV SGSVTAFSDE SEVCAREDTN ASSGFCQVKL
      * ***      ** *      *      *      * *
82 : HEAKLNLVHP QQQQVVYNR NLSFSGHSGG SWAYNKKLDW VHGLDLGLGQ ASCSRG-SCS

174 : EDCSDEYVLL DSSQCIKEEL KGKEEVREEH NLAVGFGIGQ DS-KRETLD --WLMGNGNE
      * *      * *      *      **      * * * * *
141 : ERSFLQEDD DHSHNRCSSS SG-----S NLCNLLPKQS DSQDQETVNA TTSYGGEGGG

231 : QEPLEF-GVD ETFDINELLG ILNDNNVSGQ ETMQYQVDRH PNFSYQTQFP N--SNLLGSL
      * *      * *      * *      *      * * * *
194 : GSTLTFTNL KPKNLSQNY GLYNGAWSRF LVGQEKTEH DYSSSCGSSD NKESMLVPSC

288 : NPMEIAQPGV DYGCPIYQPS DMENYIDLD HRRFNDLDIQ DLDGFGDKDV HGST
      *      *      *      **      *
254 : GGERMHRPEL EERTGY-LEM DDLLEIDDLG LLIGKMGDFK NWCEEFQHP WNW
  
```

## 【図 5-13】

```

+++++
                                0056504
Sequence 1      : DREB2C.aa
Size            : 341
Matching Position : 1 - 341

Sequence 2      : DREB2H.aa
Size            : 177
Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.

Matches        : -1
Mismatches     : 1
Gaps           : 1
*NT+          : 2

Matching       : 38.42 [%]
Weight        : 97

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDVAE ILRQWREYNE QIEAESCIDG GPKSIRKPP PKGSRKGMK
  ** *** ***** ** ***** * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : MP-----RKR KSRGTRDVAE ILRKWREYNE QTEADSCIDG GSKPIRKAP PKRSRKGMK

61 : GKGGPENGIC DYRGVQRWRW GKWVAEIREP DGGARLWLGT FSSSYEAALA YDEAAKAIYG
    ***** ** ***** * ***** ** ***** ***** **** *****
56 : GKGGPENGIC DYTGVQRRTW GKWVAEIREP GRGAKLWLGT FSSSYEAALA YDEASKAIYG

121 : QSARLNLPEI TNRSSSTAAT ATVSGSVTAF SDESEVCARE DTNASSGFGQ VKLEDCSDEY
     *****
116 : QSARLNLPEI-----

181 : VLLDSSQCIK EELKGKEEVR EEHNLAVGFG IGQDSKRETL DAWLMGNGNE QEPLEFGVDE
     ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
124 : -LLPLCQ----- -ARL----- -LHF-----

241 : TFDINELLGI LNDNNVSCQE TMQYQVDRHP NFSYQTQFPM SNLLGSLNPM EIAQPGVDYG
     * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
136 : -----LMN LKFVHVRIQ- -MQDLV----- -LVRSI-----

301 : CPYVQPSDME NYGIDLHRR FNDLDIQDLD FGGDKDVHGS T
     * * * * * * * * * * * * * * * *
158 : --TSRISKM----- -LS PITALVKLGR Y

```

```

+++++
Sequence 1      : DREB2D.aa
Size            : 206
Matching Position : 1 - 206

Sequence 2      : DREB2E.aa
Size            : 244
Matching Position : 1 - 244

Matching Condition.

Matches        : -1
Mismatches     : 1
Gaps           : 1
*NT+          : 2

Matching       : 35.20 [%]
Weight        : 96

```

【図 5-14】

D056504

```

1 : M-----SS-IEPKVMVG A----- NKKQRTVQA-SSRKGCMRGK
   *      **      * * *      * *** * *****
1 : MEKEDNGSKQ SSSASVSSR RRRRVPEVE ATLQRWEEG LARARVQAK GSKKGCMRGK

33 : GGPDNASCTY KGVQRWTGK WVAEIREP--NRGA-----RLWLGTFDTS REAALAYDSA
   *** * * ***** *** ***** * ***** *
61 : GGPENPVCRF RGVQRVWGK WVAEIREPVS HRGANSSRSK RLWLGTFATA AEAALAYDRA

85 : ARKLYGPEAH LNPESLSRY PKTASSPASQ TTPSSMTGK SSSDSESPCS SNEMSSCGRV
   * *** * ** ** * * * * * * * * * * *
121 : ASVMYGPYAR LNFPEOLGGG RKKDEEAESS GGYWLETNKA GNGVIE----TEGGKDYVV

145 : TEE--ISWEH INVDPVMD SSIWEEATMS--LGFPWYHE GNDISRFD CTS---GGY
   * * * * * * * * * * * * * * * * *
176 : YNEDAIELGH DKTQNP-MTD NEIVNPAVKS EEGYSYDRFK LDNGLLYNEP QSSSYHQGGG

197 : SNWDSFHSP L
235 : FDSYFEYFRF

+++++
Sequence 1      : DREB2D.aa
Size            : 206
Matching Position : 1 - 206

Sequence 2      : DREB2F.aa
Size            : 277
Matching Position : 1 - 277

Matching Condition.

Matches         : -1
Mismatch        : 1
Gaps            : 1
#Nt             : 2

Matching        : 32.65 [%]
Weight          : 129

1 : MSSIEPKVM VGANKQRTV QASSRKGCNR KGGPDNASC TYKGVQRWTW GKWVAEIREP
   * * * * * ** * * * * * * * * * * *
1 : M--EKSSM ---KQ---WKKGPARG KGGPQNALC QYRGVQRWTW GKWVAEIREP

61 : NRGARLWLG FDSREAALA YDSAARKLYG PEHLNLP--ESL-----RSYP
   ***** * * * * * * * * * * *
47 : KKRARLWLG FATAEEAAMA YDEALKLYG HDAYLNLP HL QRNTRPSLSN SQRKWNVPSR

106 : KTASSPAS--QTPS-----SNTGKS--SSDSESPCS--SNEMS
   * * * * * ** * * * * *
107 : KFISMFPSCG MLNVNAQPSV HIIQRLLEL KKTGLLSQSY SSSSSSTESK TNSFLDEKT

140 : -----SC G-----R VTEEISWEH INVDPVMD SSIWEEATMSL
   * * * * * * * * * * *
167 : SKGETDNMFE GGOQKKPEID LTFELQQLGI LKDENEAEP EVAECHSPPP WNEQEETGSP

174 : GFPWVHEGDN DI-----SRFDTCISG GY-----SNWDSFHSP L
   * * * * * * * * * * *
227 : FRTFNSWDT LIEMPRSETT TMQFDSSNFG SYDFEDDSVF PSIWYYGSL D

+++++

```

## 【図 5-15】

0056504

```

Sequence 1      : DREB2D.aa
Size            : 206
Matching Position : 1 - 206

Sequence 2      : DREB2G.aa
Size            : 306
Matching Position : 1 - 306

Matching Condition.

Matches         : -1
Mismatch        : 1
Gaps            : 1
*Ht             : 2

Matching        : 32.08 [%]
Weight          : 144

1 : MSSIEPKVMM VGANKKQRTV QASSRKGCNR GKGGPDNASC TYKGYRQRTN GKWVAEIREP
   *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
1 : EEEQPP---- --AKK--RN MGRSRKGCNK GKGGPENATC TFRGYRQRTN GKWVAEIREP

61 : NRGARLWLG TDSREAALA YDSAARKLYG PEHLNL-----
    *** ***** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *
52 : NRGARLWLG TDSREAALA YDEAARKLYG HEAKNLVHP QQQQVVVNR NLSFSGHSG

98 : ----- PESLRYPKT AS-SPASQTT PSS----- --NTGKSS-----
    *      *      *      *      *      *      *      *
112 : SWAYNKKLDW VHGLDLGLGQ ASCSRGSCSE RSSFLQEDD HSHNRCSSES GSNLCWLLPK

127 : -SDS----- --ES PCSS----- --NEMS----- --S CGRVTEEISW
    ***      *      *      *      *      *      *      *
172 : QSDSQDQETV NATTSYGGEG GGGSTLTFST NLKPKNLMSQ NYGLYNGAWS RFLVGQEKKT

151 : EHINVDLPVM DDSSIWEE-- ATMSLGFPMV H----- --EGD--N DISRFDTGIS
    ** *      *      *      *      *      *      *
232 : EH--DVSSS CGSSDNKESM LVPSCGGERM HRPELEERTG YLEMDLLEI DDLGLLIGKN

194 : GGYSNW--DS FHSP--L
    *      *      *      *
289 : GDFKNWCCEE FQHPWMMF

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2D.aa
Size            : 206
Matching Position : 1 - 206

Sequence 2      : DREB2H.aa
Size            : 177
Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.

Matches         : -1
Mismatch        : 1
Gaps            : 1
*Ht             : 2

Matching        : 32.03 [%]
Weight          : 101

1 : M----- --SSIEPK----- --VMVVGANK QR-TVQASSR KGCNRGKGGP
   *      *      *      *      *      *      *      *
1 : MPRKRKSRGT RDVAEILRKW REYNEQTEAD SCIDGGGSKP IRKAPPKRSR KGCNRGKGGP

```

## 【図 5-16】

0056504

```

36 : DNASCTYKGY RQRTWGWVA EIREPNRGAR LNLGTFDTSR EAALAYDSAA RKLYGPEAHL
   * * * * * ***** * * * * * * * * * * * * * * * *
61 : ENGICDYTG V RQRTWGWVA EIREPGRGAK LNLGTFSSSY EAALAYDEAS KAIYQGSARL

96 : NLPESLRSTP KTASSPASQT TPSSNTGGKS SSDSESPCSS NEMSSCGRYT EEISWEHINV
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
121 : NL-----P LLPLCQARLL HFLNN--LKF VHVRIQMQL VLVRS--LT SRIS-----

156 : DLPVMDSSI WEEATMSLGF PWVHEGDNDI SRFDTCSGG YSNWDSFHSP L
   * * * * *
163 : ---KMLSPI --TALVKLG- -----R Y

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2E.aa
Size            : 244
Matching Position : 1 - 244

```

```

Sequence 2      : DREB2F.aa
Size            : 277
Matching Position : 1 - 277

```

Matching Condition.

```

Matches       : -1
Mismatch      : 1
Gaps          : 1
*Nil          : 2

Matching      : 27.52 [%]
Weight        : 173

```

```

1 : MEKEDNGSKQ SSSASVSSR RRRRVVEPVE ATLQRWEEG LARARRVQAK GSKKGCMRGK
   ***      ***      *      ***
1 : MEK-----SSS-----KK QWKKGPARGK

61 : GGPENPVCRF RGVQRVWGK WVAEIREPVS HRGANSRSRK RLNLGTFATA AEAALAYDRA
   *** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
19 : GGPQNALCQY RGVQRVWGK WVAEIREP-- --KKRA RLNLGSFATA EEAAMAYDEA

121 : ASVMYGPYAR LN-----FP-----
   * * * * *
71 : ALKLYGHDAY LNLPHLQRNT RPSLSNSQRF KWVPSRKFI S MFPSCGMLNV NAQPSVHI IQ

135 : ---EDLGGG RKKDEEAESS GGYWLETN-- --KAGN GVIETEGG--KDYVVYNED
   * * * * *
131 : QRLEELKKTG LLSQSYSSSS SSTESKTNTS FLDEKTSKGE TDNMFEQGDQ KKPEIDLTEF

180 : AIELGHDKTQ N--PMTDNE --IVNPAVKS EEGYSYDR-F KLONGLLYNE PQS-----
   * * * * *
191 : LQQLGILKDE MEAPESEVAE CHSPPPNNEQ EETGSPFRTE NFSWDTLIEM PRSETTTMQF

227 : -SSYHQGGGF --DSYF-- --EYFRF
   * * * * *
251 : DSSNFGSYDF EDDVSFPSIW DYYGSLD

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2E.aa
Size            : 244

```



## 【図 5-17】

0056504

Matching Position : 1 - 244

Sequence 2 : DREB2G.aa  
Size : 306  
Matching Position : 1 - 306

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*Nt : 2

Matching : 25.07 [%]  
Weight : 197

```

1 : MEKEDNGSKQ SSSASVVSSR RRRRVVEPVE ATLQRWEEEG LARARRVQAK GSKKGCNRGK
      * * * * *
1 : ----- EEE QPPAKKRNMG RSRKGCNRGK

61 : GGPENPYCRF RGVRRVWVGK WVAEIREPVS HRGANSRSRK RLWLGTFATA AEAALAYDRA
      * * * * *
24 : GGPENATCTF RGVRRTWGK WVAEIREP-- --NRGT RLWLGTFNTS VEAAMAYDEA

121 : ASVMYGPYAR LN-----FPE DLGGG
      * * * *
76 : AKKLYGHEAK LNLVHPQQQ QVVVNRNLSF SGHSGSWAY NKKLDVHGL DLGLGQASCS

141 : RKKDEEAES-----SGG YWL-----ETNKA--GNGV
      * * * *
136 : RGSCSERSSF LQEDDDHSHN RCSSSSGSNL CWLLPKQSDS QDQETVNATT SYGGEGGGGS

165 : IET-----EGGKDYVV YN-----EDAIELGHDK TQNPMTONEI VNPVKSEEG
      * * * *
196 : TLTFSTNLKP KNLSQNYGL YNGAWSRFLV GQEKTEHDV SSSCGSSDNK ESMLVPSCGG

208 : YSYDRFKL-----DNG LLYNEPQSSS YHQQGGFDSY FEYF-----R F
      * * * *
256 : ERMHRPELEE RTGYLEWDDL LEIDOLGLLI GKNGDFKNWC CEEFQHPWNW F

```

+++++

Sequence 1 : DREB2E.aa  
Size : 244  
Matching Position : 1 - 244

Sequence 2 : DREB2H.aa  
Size : 177  
Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatches : 1  
Gaps : 1  
\*Nt : 2

Matching : 29.92 [%]  
Weight : 114

```

1 : MEKEDNGSKQ SSSASVVSSR RRRRVVEPVE ATLQRWEEEG LARARRVQAK GSKKGCNRGK
      * * * * *
1 : MPRKRKSRGT RDVA--EILR KWREYNEQTE A-DSCIDGGG SKPIRKAPPK RSRKGCNRGK

```

## 【図 5-18】

0056504

```

61 : GGPENPVCRF RGVQRVWGK WVAEIREPVS HRGANSSRSK RLNLGTFATA AEAALAYDRA
**** * **** * **** * **** *
58 : GGPENGICDY TGVQRRTWGX WVAEIREP- GRGA----- KLNLTGTFSSS YEAALAYDEA

121 : ASVMYGPYAR LNFPEDLGGG RKKDEEAESS GGYWLETNKA GNGVIETEGG KDYVVYNEDA
** ** * *
110 : SKAIYGQSAR LNLPLC QAR----- --LLHFLMN LKFVHVRIQM QDLV-----

181 : IELGHDKTQN PMTDNEIVNP AVKSEEGYSY DRFKLDNGLL YNEPQSSSYH QGGGFDSYFE
* * **
153 : -LVRSLTSR ISKMLSPITA LVK-----

241 : YFRF
*
174 : LGRY

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2F.aa
Size            : 277
Matching Position : 1 - 277

```

```

Sequence 2      : DREB2G.aa
Size            : 306
Matching Position : 1 - 306

```

Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatches       : 1
Gaps             : 1
*H+              : 2

Matching         : 31.41 [%]
Weight           : 138

```

```

1 : ME-----KSS SMKQWKKGPA RGKGGPQNAL CQYRGVRQRT WGWVVAEIRE PKKRARLWLG
* * * ** ***** * ***** *
1 : EEEQPPAKKR NMGRSRKGCW KGKGGPENAT CTFRCVQRRT WGWVVAEIRE PMRGTRLWLG

56 : SFATAEEAAM AYDEAAKLKLY GHDAYLNLPH LQ-----RN TRPSLSNSQR FKNVPSRKFI
* * **** ***** ** * ** * *
61 : TFNTSVEAAM AYDEAAKLKLY GHEAKLNLVH PQQQQQVVVN RNLSFSGHGS GSW-AYNKKL

110 : SMFPSCGMLN VNAQPSVHII QQRLEELKKT GLLSQSYSSS SS-----STE SKTNTSFLDE
* * * * *
120 : DMVHGLDLGL GQASCSRGSC SERSSFLQED DDHSHNRCSS SSGSNLCWLL PKQSDS-QDQ

165 : KTSKGETDNM FEGG-----DQKKP---EIDLTEF LQQLGILKDE NEAEPSEVAE
* * *** ** *
179 : ETVNATTSYG GEGGGGTLT FSTNLKPKNL MSQNYGLYNG AWSRFLVGQE KKTEHDVSSS

211 : CHS--PPPN EQEETGS-P FRTENFSWDT LIEM-PRSET TTMQFOSSNF GSYDFEDDVS
* * * * *
239 : CGSSDNKESM LVPSCGGERM HRPELEERTG YLEMDDLLEI DDLGLLIGKN GDFKNWCCEE

266 : FPSINDYYGS LD
* *
299 : FQHPW-----N WF

```

+++++

## 【図 5-19】

0056504

Sequence 1 : DREB2F.aa  
Size : 277  
Matching Position : 1 - 277

Sequence 2 : DREB2H.aa  
Size : 177  
Matching Position : 1 - 177

## Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatch : 1  
Gaps : 1  
\*N+ : 2  
Matching : 21.52 [%]  
Weight : 192

```

1 : M--EKS-----SSMKQNK KGPARGKGGP
   *  **          *  **  *****
1 : MPRKRKSRGT RDVAEILRKW REYNEQTEAD SCIDGGGSKP IRKAPPKRSR KGCMMKGKGGP

22 : QNALCQYRGV RQRTWGWVA EIREPKRAR LWLGSFATAE EAAMAYDEAA LKLYCHDAYL
    * * * * * ***** * **** * *** ***** ** * *
61 : ENGICDYTG V RQRTWGWVA EIREPGRGAK LWLGTFFSSY EAALAYDEAS KAIYQQSARL

82 : NLPHLQRNTR PSLNSQRFK WPSRKFI SM FPSCGMLNVN AQP SYHI IQQ RLEELKKTGL
    *** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
121 : NLPLLPLCQA RLLHFLMNLK FV-----HVRIQMQ DL-----V

142 : LSQSYSSSSS STESKTNTSF LDEKTSKGET DNMFEQGDQK KPEIDLTEFL QQLGILKDEK
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
153 : LVRSLTSRIS KMLS-----PITAL VKLG-----

202 : EAEPSEVAEC HSPPPRNEQE EYGSPPRTEN FSWDTLIEMP RSETTTMQFD SSNFGSYDFE
176 : -----

262 : DDVSFPSIWD YYGSLD
176 : -----RV

```

+++++

Sequence 1 : DREB2G.aa  
Size : 306  
Matching Position : 1 - 306

Sequence 2 : DREB2H.aa  
Size : 177  
Matching Position : 1 - 177

## Matching Condition.

Matches : -1  
Mismatch : 1  
Gaps : 1  
\*N+ : 2  
Matching : 24.41 [%]  
Weight : 192

## 【図 5-20】

```

                                0056504
1 : -----EEEQ-----PP AKKRNMGSR KGCWKGGP
   * * * * *
1 : MPRKRKSGT RDVAELRW REYNEQTEAD SCIDGGGSKP IRKAPKRSR KGCWKGGP

27 : ENATCTFRGY RQRTGKHYA EIREPNRGTR LWLGTFTSV EAAMAYDEAA KKLYGHEAKL
   * * * * *
61 : ENGICDYTCV RQRTGKHYA EIREPGRGAK LWLGTFSY EAALAYDEAS KAIYQSARL

87 : NLVHPQQQQ VVVRNLSFS GHGSGSWAYN KKLDVHGLD LGLGQASCSR GSCSERSSFL
   * * * * *
121 : NL-----PL LPLCA-----

147 : QEDDDHSHNR CSHSSGSLC WLLPKQSDSQ DQETVNATTS YGEGGGGST LTFSTNLKPK
   * * * * *
131 : -----RL LHFLMNLKPV

207 : NLMSQNYGLY NGAWSRFLVG QEKTEHDVS SSCGSSDRIE SMLVPCGGE RMHRPELEER
   * * * * *
143 : HVRIQMDL-----VLV-----RLTSRISK-----MLSP-----

267 : TGYLENDLL EIDDLGLLIG KNGDFKNWCC EEFQHPWNVF
   * * * * *
168 : -----ITALVKL-----GRY

```

[illegible]





【図 8】

```

DREB1A 1: ...MNSFAFSEMFSGDYESSVSSGGDYIPTASSCPKKLAGRKKPRETRHPYRGVRR
DREB1B 1: ...MNSFAFSEMFSGDYEP...QGGDYCP...LATSCPKKLAGRKKPRETRHPYRGVRR
DREB1C 1: ...MNSFAFSEMFSGDYESSVSSGGDYSPK...LATSCPKKLAGRKKPRETRHPYRGVRR
DREB1D 1: MNPFSATPPDSFLSISDHRSPVSDSSESEK...LASSCPKKLAGRKKPRETRHPYRGVRR
DREB1E 1: ...MENDITVAEMRPPKAGRVK...MENDITVAEMRPPKAGRVK...MENDITVAEMRPPKAGRVK...
DREB1F 1: ...NNDDITVAEMRPPKAGRVK...NNDDITVAEMRPPKAGRVK...NNDDITVAEMRPPKAGRVK...

DREB1A 57: RNSGKNVCEVREPNKKTRIVILGTFQTAEBARAHADVAAALAGRSACLNPAFDSAWRLRI
DREB1B 54: RNSGKNVCEVREPNKKTRIVILGTFQTAEBARAHADVAAALAGRSACLNPAFDSAWRLRI
DREB1C 57: RNSGKNVCEVREPNKKTRIVILGTFQTAEBARAHADVAAALAGRSACLNPAFDSAWRLRI
DREB1D 50: RNSGKNVCEVREPNKKSRIVILGTFPTVEBARAHADVAAALAGRSACLNPAFDSAWRLRI
DREB1E 36: RDGDKNVCEVREPTHQRIIVILGTYPTADBARAHADVAAALAGRSACLNPAFDSAWRLPV
DREB1F 36: RNSGKNVCEVREPTHQRIIVILGTYPTADBARAHADVAAALAGRSACLNPAFDSAWRLPV

DREB1A 116: PESTCAKDIOKAAAEARLA...FOD...EMCDATTGHC...PDNEETLVBAIYTAE...OSENAF
DREB1B 113: PESTCAKDIOKAAAEARLA...FOD...EMCDATTGHC...PDNEETLVBAIYTAE...OSENAF
DREB1C 116: PESTCAKEIOKAAAEARLA...FOD...EMCHMTTDAGLDNEETLVBAIYTPE...OSQDAF
DREB1D 119: PETTCPKSIOKAAAEARLA...FON...ETTEGSKTA...AEAEAAAG...GVREGERRAEENGCVF
DREB1E 95: PRSTDPTTIRTTAAAEARLEMRPFEPSTGIVLPASAEPTDS...OSQDAF
DREB1F 95: PESNOPDVIRRVAAAEARLEMRPFEPSTGIVLPASAEPTDS...OSQDAF

DREB1A 169: YNDEEAMFEMPSLLANNAEGMLPLPSVQVNNH...EVDGDDDDVSLASY...
DREB1B 167: YNDEEAMFEMPSLLANNAEGMLPLPSVQVNNH...EVDGDDDDVSLASY...
DREB1C 170: YNDEEAMFEMPSLLANNAEGMLPLPSVQVNNH...EVDGDDDDVSLASY...
DREB1D 177: YNDEEAMFEMPSLLANNAEGMLPLPSVQVNNH...EVDGDDDDVSLASY...
DREB1E 135: ...DEGVAGNMHRLAEBPLMSPPRSYIDAN...TSVYVDEENCTEDLSLSY...
DREB1F 154: SYGFGDYEEVSTTMMRLAEGPLMSPPRSYIDAN...TSVYVDEENCTEDLSLSY...

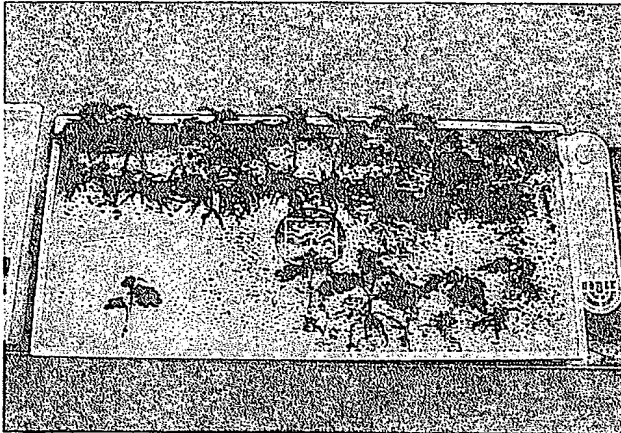
```



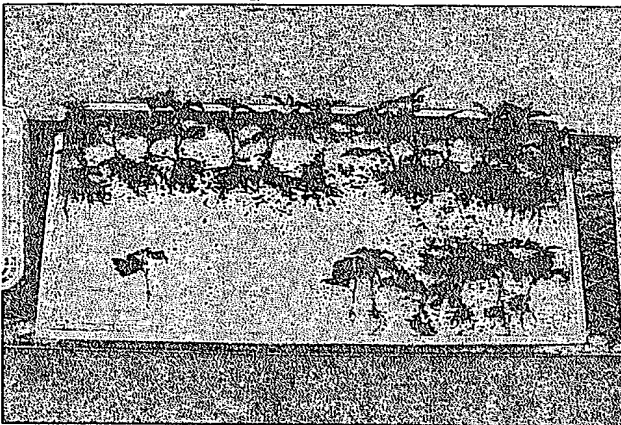
【図 9】

DREB2A 1:AAVYDQSGDNRRTQIDTSRKRSRSRGDGTVAERKRRKKEINEIVEYSTK.....KRVPAKGSKGCNKKGKGG  
 DREB2B 1:AAVVEQTG....TEQPKRKRSARAGULTVADRKKKKEINEIVEASAVKEG..EKPKRVPAKGSKGCNKKGKGG  
 DREB2C 1:VDPSE.....GTRDVAEIRQRENEQIEAESCIDGGGPKSIRKPPKGSKGCNKKGKGG  
 DREB2D 1:.....MESIEPKVMVGAHKQRTVQASRKGCNRKGKGG  
 DREB2E 1:.....MEKEDNGSKOSSASVSSRRRRRVPEATLDWEEELARARVQAKGSKGCNRKGKGG  
 DREB2F 1:.....MEKSSNKO.....WKGGPARGKGG  
 DREB2G 1:.....NEEEQPPAKKRNNGRSKGGKGGKGG  
 DREB2H 1:RKKSR...GTRDVAEIRKRENEQTEADSCIDGGGSKPIRKAAPPKRSKGCNKKGKGG  
 DREB2A 72:PERNSRCSFRGVQRIRMGKVAEIREP.....KGSRLNIGCTTAQEARSAAYDEAAKAMTGP LARLPFRSD...  
 DREB2B 71:EDMSHCSFRGVQRIRMGKVAEIREP.....IGTRNIGCTTAQEARSAAYDEAAKAMTGP LARLPPOSV...  
 DREB2C 65:ENIGICDYRGVQRIRMGKVAEIREP.....GGRNLNIGCTTSSSYEALAYDEAAKAMTGP LARLPPOSV...  
 DREB2D 35:EDNASCTYRGVQRIRMGKVAEIREP.....GGRNLNIGCTTSSSYEALAYDEAAKAMTGP LARLPPOSV...  
 DREB2E 63:ENPVCRFRGVQRIRMGKVAEIREPUSHRGANSRSKRLNIGCTTSSSYEALAYDEAAKAMTGP LARLPPOSV...  
 DREB2F 21:EQNALCQYRGVQRIRMGKVAEIREP.....KRRKRLNIGCTTSSSYEALAYDEAAKAMTGP LARLPPOSV...  
 DREB2G 27:ENATCTFRGVQRIRMGKVAEIREP.....GGRNLNIGCTTSSSYEALAYDEAAKAMTGP LARLPPOSV...  
 DREB2H 60:ENIGICDYTVRQRTMGKVAEIREP.....GGRNLNIGCTTSSSYEALAYDEAAKAMTGP LARLPPOSV...  
 DREB2A 138:.....ASEVTSTSSQSEVCTVETPOCVH.....KTEDPDCBCKPPSG...OVEPHYCLEN.....GABENKRGV  
 DREB2B 137:.....GSEFTSTSSQSEVCTVENKAVCGDVVKEDTDCSNPFSQILDVRESCGTRPDSCVTGHQDMNSSL  
 DREB2C 135:SSAATAATVSGSVTAFSDSEVCTARETNASSQFGCKLEDCSEYVLLDSSQCIKEELKGXZ....VREHNLA  
 DREB2D 102:.....SYPKTASSPASQTFPS.....GKDYVVYN.....  
 DREB2E 138:.....GGRKDEAESGGYLETNKAGNGVITEG.....GKDYVVYN.....  
 DREB2F 89:.....TRPLSNSQRFKWVPSR.....KPSMFSPSCMLNVAQPSVILIQRLBELKKTGL  
 DREB2G 95:.....QDVVNRLSFGSGSGSNAYNKLDMVHGLDGLGQASCSKSCSSRSSTLQEDDD  
 DREB2H 126:.....LQCARLLHFLHNLKPTWVRIOQMDLVRS.....LTSR.....  
 DREB2A 196:XADKHNLSZFEHNYVSDILXKEX..OXEQGIVETCQQQQ.....DSUSVADYGNP..NOV..DQSHLDS.....SDM  
 DREB2B 207:NYD..LLLEFEQYWGQVLQEKXPKQEEESIQQQQEQQQQQLOQDLTAVADYGNPWSNDIVNDQTSWDP.....NFC  
 DREB2C 208:QFG.....IGQDSKRSTLDWLMGNGNEPFEFGVDETFD..INELGILNDNNVSGQETHQYQVDRHPNFSYQTO  
 DREB2D 118:..SNTGKSSSDS.....ESPCSS.....NEMSSCG.....RVTEISWEHINVDLPVADD.....S  
 DREB2E 177:.....KDAIELGHDKTQNPMTDNEIVNPAVKSEGG  
 DREB2F 142:LSQSYSSSSST.....ESKXTNTSFLDKTSKGTDNMFEGGQKKPEIDTEFLQGLKXEN.....BA  
 DREB2G 153:KSHNRCSSSSGSNLCWLLPXQSDSDQDEIVNATTSYGGEGGGSTLFTSTNLKPNLMSQNYGLYNGAWSRPLVQQR  
 DREB2H 160:.....ISKMSPI.....TALVKLGRY.....  
 DREB2A 259:FDVDELLRDNGDDVFAGLNDQRYPGNSVANGSYRPSQSGDFPLQSLNLYGIPPFQLGKXDCNGFFDLSYLDLEN  
 DREB2B 279:FDINELLGDN.....EPGPHQSDQ.....NHVNSGSDYDLPLHLEPHDG..KEFNGLSSLDI..  
 DREB2C 278:FPNSNLLGSN.....PNEIAQPGVDYGCYVQPSDMENYGLDHRHRRFDLDIOQLDFGGRQVAGST...  
 DREB2D 164:SIHEBATNGLGPPVWHEGDN.....DISR.....FDTCSGGY.....FNDWSPHSPL...  
 DREB2E 208:YSYDRPK.....LNDLILYNEPQSSSYHQGGFSDSYFEFRF.....  
 DREB2F 204:EPSEVAECHSPPPMNEQETGTFRTENPNDTLIBKPSSETTMDQSSNFSDYDVEDDVSPFSYQYYSGLD...  
 DREB2G 231:KTEHDVSSSGSSDNKESMLVPSGGERMHRPELEKGTGYLEMDDLLDLDLGLLIGKNGDFKXNWCCEEFQHPWNP  
 DREB2H :

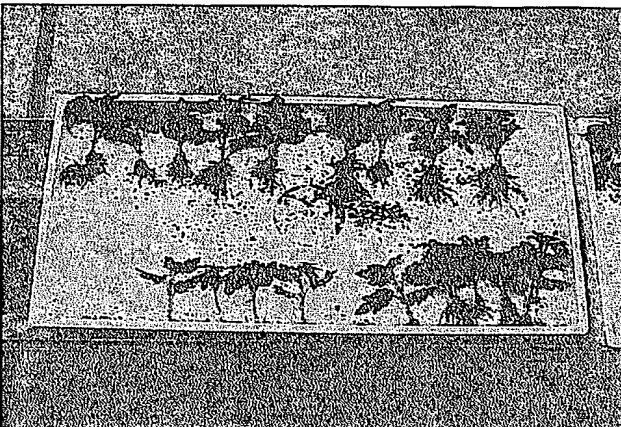
【図 10】



系統 9

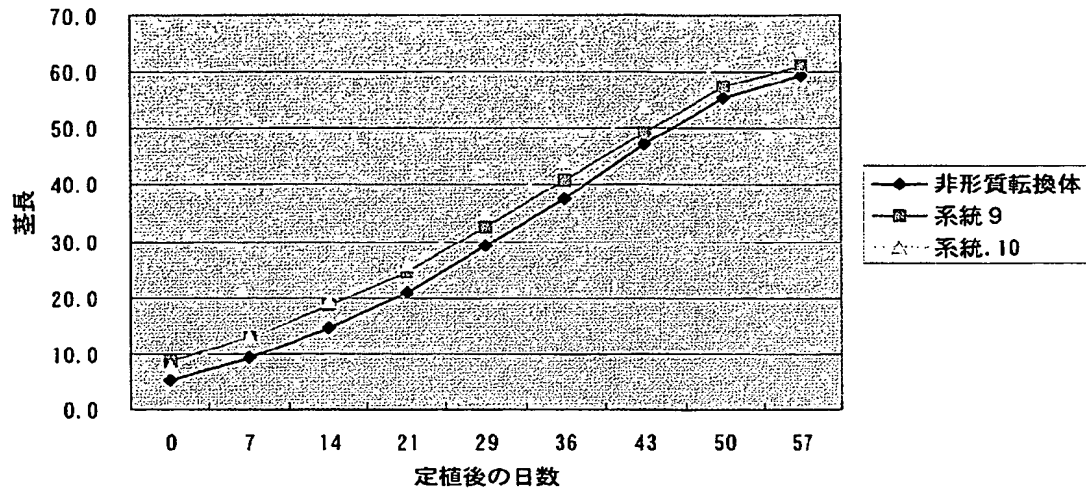


系統 10



非形質転換体

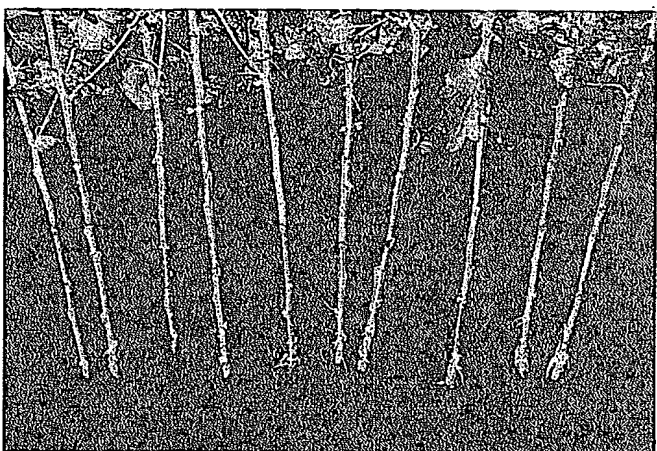
【図 11】



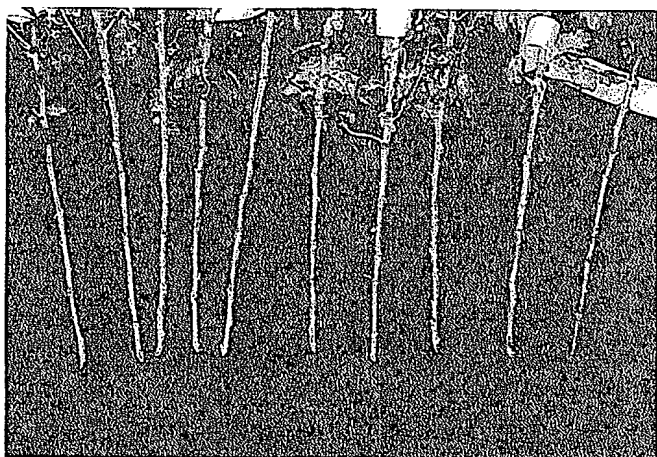
【図 12】



系統 9



系統 10



非形質転換体

【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 発根率を高めることにより挿し木増殖での効率を高め、切花の花持ちが改善された植物の提供。

【解決手段】 ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を用いて植物を形質転換することを含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物を作成する方法。

【選択図】 なし

特願 2 0 0 3 - 0 7 1 0 8 2

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [ 5 0 1 1 7 4 5 5 0 ]

1. 変更年月日	2 0 0 1 年 4 月 2 7 日
[変更理由]	新規登録
住 所	茨城県つくば市大わし 1 - 1
氏 名	独立行政法人 国際農林水産業研究センター

特願 2 0 0 3 - 0 7 1 0 8 2

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[ 0 0 0 2 5 3 5 0 3 ]

1. 変更年月日

1 9 9 5 年 6 月 1 4 日

[変更理由]

住所変更

住 所

東京都中央区新川二丁目 1 0 番 1 号

氏 名

麒麟麦酒株式会社